



(12) **EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG**

(43) Veröffentlichungstag:
16.09.1998 Patentblatt 1998/38

(51) Int. Cl.⁶: **C12Q 1/68**, C12N 15/63

(21) Anmeldenummer: **98103701.3**

(22) Anmeldetag: **03.03.1998**

(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU MC NL PT SE
Benannte Erstreckungsstaaten:
AL LT LV MK RO SI

(30) Priorität: **12.03.1997 DE 19710159**

(71) Anmelder:
HOECHST AKTIENGESELLSCHAFT
65929 Frankfurt am Main (DE)

(72) Erfinder:
• **Kirschbaum, Bernd, Dr.**
55122 Mainz (DE)
• **Stahl, Wilhelm, Dr.**
65510 Idstein (DE)
• **Winkler, Irvin, Dr.**
65835 Liederbach (DE)
• **Meisterernst, Michael, Dr.**
82223 Eichenau (DE)

(54) **In vitro Transkriptionsverfahren zum Screening von Naturstoffen und anderen chemischen Substanzen**

(57) Die Erfindung betrifft ein automatisierbares in vitro Verfahren zur Analyse der Transkription viraler und zellulärer Gene, welches für ein Massenscreening zur Auffindung spezifischer, die Genaktivität selektiv beeinflussender chemischer Leitstrukturen in einer rationellen und ökonomisch vertretbaren Weise geeignet ist.

Das Verfahren zur zellfreien in vitro Transkription eines DNA-Templates, enthaltend eine zu transkribierende DNA-Sequenz, die unter der Kontrolle mindestens eines genregulatorischen Elements vorliegt, ist dadurch gekennzeichnet, daß

a) für die Transkription ein angereicherter und gegebenenfalls aufgereinigter Extrakt aus Zellkernen,

der gegebenenfalls durch Transkriptionsfaktoren und/oder Kofaktoren ergänzt beziehungsweise teilweise oder ganz ersetzt werden kann und mindestens ein markiertes Nukleotid verwendet wird

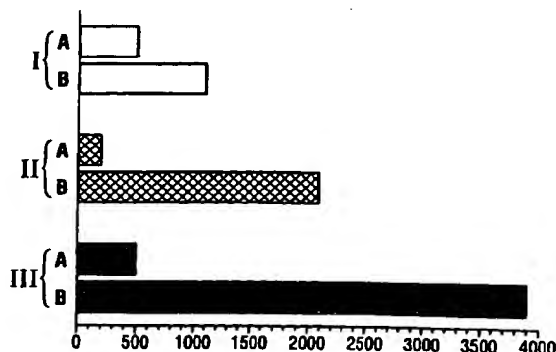
b) im Anschluß an die Transkription die im Ansatz enthaltenen Proteine gegebenenfalls abgetrennt und/oder degradiert werden,

c) das markierte Transkript an einen festen Träger gebunden wird,

d) die überschüssigen markierten Nukleotide entfernt werden und

e) die Menge an markiertem Transkript bestimmt wird.

Fig. 1



Beschreibung

Die Erfindung betrifft ein automatisierbares *in vitro* Verfahren zur Analyse der Transkription viraler und zellulärer Gene, welches für ein Massenscreening zur Auffindung spezifischer, die Genaktivität selektiv beeinflussender chemischer Leitstrukturen in einer rationellen und ökonomisch vertretbaren Weise geeignet ist.

Das Screening von Naturstoffen auf biologisch aktive Inhaltsstoffe erhielt neuen Aufschwung, nachdem sich gezeigt hatte, daß mit rationalem Wirkstoffdesign allein keine erfolgreiche Wirkstoffsuche möglich ist. So stehen neben chemischen Substanzbibliotheken und kombinatorischen Bibliotheken erneut klassische Naturstoffextrakte als Substanzquellen im Mittelpunkt des Interesses. Dies liegt vor allem an der Vielfalt der in diesen Extrakten enthaltenen Substanzen. Mit modernen analytischen Methoden läßt sich nachweisen, daß Extrakte mikrobieller Fermentation etwa 500 strukturell stark unterschiedliche Verbindungsklassen enthalten. Damit sind sie hinsichtlich ihrer Diversität chemischen und kombinatorischen Substanzbibliotheken weit überlegen.

Limitierend für die pharmakologische Nutzung des reichhaltigen und bisher weitgehend unerforschten Potentials von Naturstoffen ist die Anzahl an kompatiblen, aussagekräftigen Verfahren, mit denen potentielle Wirkstoffe getestet werden können. Insbesondere werden Verfahren benötigt, die zur Identifizierung von hochspezifischen pharmakologischen Wirkstoffen, deren Applikation mit möglichst geringen Nebenwirkungen verbunden ist, eingesetzt werden können.

Das im folgenden beschriebene Verfahren beruht auf einem Ansatz, bei dem Substanzen auf ihr Potential getestet werden, bereits in den ersten Schritt der Umsetzung genetischer Information, die Regulation der Transkription von Genen, einzugreifen. Mit einem solchen Verfahren sollen Substanzen identifiziert werden, die die Transkription direkt oder indirekt positiv oder negativ beeinflussen können.

Die Stärke der Transkription eines Gens wird durch die genregulatorischen Elemente dieses Gens, insbesondere durch den Promotor, durch Enhancer oder Silencer bestimmt. Die Wirkung der genregulatorischen Elemente wird durch Transkriptions- und Kofaktoren vermittelt und umgesetzt. Diese Transkriptionsfaktoren können die Transkriptionsrate eines Gens sowohl negativ als auch positiv beeinflussen und tragen dadurch zur Stärke der Transkription bei. Mittlerweile wurden eine Vielzahl von Transkriptionsfaktoren als wichtige "molekulare Schalter" im Verlauf vieler zellulärer Vorgänge, einschließlich Signaltransduktion, Zellzykluskontrolle, Differenzierung und kontrolliertem Zelltod (Apoptose) identifiziert.

Die meisten von der Zelle empfangenen Signale, die die Stärke der Transkription von Genen beeinflussen, werden von Transmembranproteinen "registriert", intrazellulär durch Signaltransduktionsketten weitergeleitet und von Transkriptionsfaktoren umgesetzt. Beispiele für Proteine, die Außensignale empfangen, sind cAMP-bindende Proteine, Sensoren für Wachstumssignale (wie der Serum Response Faktor, SRF), Hormonrezeptoren oder Transkriptionsfaktoren, die an der Expression von Zytokinen beteiligt sind, sogenannte STAT Proteine (signal transducers and activators of transcription).

Mittlerweile sind eine ganze Reihe von Substanzen bekannt, die direkt oder indirekt die Stärke der Transkription von Genen beeinflussen. Solche Substanzen werden u.a. als pharmakologische Wirkstoffe in Arzneimitteln eingesetzt, obwohl die Wirkung dieser Substanzen oft nicht spezifisch ist. Deshalb ist die Einnahme solcher Arzneimittel auch häufig mit unerwünschten Nebenwirkungen verbunden.

Beispielsweise werden zur Behandlung von immunologischen Erkrankungen Arzneimittel eingesetzt, die Cyclosporin- und Steroidderivate als Wirkstoffe enthalten. Cyclosporin A bildet einen Komplex mit Cyclophilin. Dieser inhibiert Calcineurin, eine ubiquitäre Phosphatase, die Proteine in unterschiedlichen Stoffwechselwegen dephosphoryliert. Calcineurin reguliert z.B. die Verlagerung einer Untereinheit des Transkriptionsfaktors NFAT vom Zytosol in den Zellkern (Liu, J. (1993) *Immunology Today* 14, 290-295). NFAT (nuclear factor of activated T-cells) ist an der Aktivierung einiger immunologisch relevanter Gene beteiligt. Cyclosporin A (CsA) reguliert indirekt über die Beeinflussung von NFAT (nuclear factor of activated T-cells) die Expression dieser Gene. Da Cyclosporin A aber nur indirekt, nämlich über das ubiquitäre Calcineurin, die Aktivität von NFAT reguliert, wirkt Cyclosporin A über andere Stoffwechselwege auch gefäßverengend sowie nephro- und neurotoxisch. Wäre ein pharmakologischer Wirkstoff bekannt, mit dem NFAT spezifisch, möglicherweise direkt gehemmt werden könnte, so würde ein Medikament das diesen Wirkstoff enthält, voraussichtlich weniger Nebenwirkungen hervorrufen.

Auch Glukokortikoide zählen zu den pharmakologischen Wirkstoffen, die neben der gewünschten Wirkung auch mit starken Nebenwirkungen verbunden sind. Glukokortikoide werden seit vielen Jahren zur Standardtherapie bei Allergien, Rheuma, Entzündungen und anderen Erkrankungen, die auf ein überreaktives Immunsystem zurückzuführen sind, eingesetzt. Sie bewirken unter anderem die Hemmung der Aktivierung des zelltypspezifischen Transkriptionsfaktors NFkB (Scheinmann, R.I., Cogswell, P.C., Lofquist, A.K. & Baldwin Jr., A.S. (1995) *Science* 270, 283-286; Auphan, H., DiDonato, J.A., Rosette, C., Helmborg, A. & Karin M. (1995) *Science* 270, 286-290), indem sie die Bildung eines zellulären Inhibitors von NFkB, dem IkB-Protein stimulieren. IkB wiederum verhindert den Transfer aktiver NFkB-Dimere in den Zellkern und somit die Aktivierung wichtiger immunologischer Zielgene. Der Einfluß von Glukokortikoiden auf die Genexpression ist ähnlich wie im Fall von CsA relativ unspezifisch, da Glukokortikoide nicht nur auf NFkB,

sondern auch auf andere Proteine wirken.

Diese Beispiele verdeutlichen, daß ein großer Bedarf an pharmakologischen Wirkstoffen besteht, die ein möglichst spezifisches Wirkprofil aufweisen. Um neue chemische Leitstrukturen mit entsprechenden Eigenschaften aufzufinden, müssen eine Vielzahl von Substanzen auf ihre spezifische Wirksamkeit getestet werden.

Trotz identischer Gen-Ausstattung werden in Abhängigkeit vom Zelltyp und/oder bestimmten Erkrankungen oder Defekten sowie dem jeweiligen Entwicklungs- und Differenzierungsgrad einzelner Zellen immer nur bestimmte Proteine exprimiert. Als Grundlage dieser Individualität von Zellen kann das spezifische Repertoire genregulatorischer Proteine angesehen werden, beispielsweise die zelltyp- und entwicklungsspezifische Ausstattung mit bestimmten Transkriptions- und Kofaktoren (accessorischen Proteinen), die die koordinierte und kontrollierte Transkription distinkter Gene regulieren.

Spezifische pharmakologische Wirkstoffe sollten deshalb selektiv die Transkription pathologisch relevanter Gene in Zellen eines definierten Typs aktivieren oder inhibieren. Um solche Wirkstoffe zu identifizieren, wird ein Transkriptionsverfahren benötigt, bei dem der Effekt von zu testenden Wirkstoffen auf die Transkription einzelner Gene, d.h. auf die an der Regulation der Transkription beteiligten Proteine und auf die genregulatorischen Elemente unter definierten Bedingungen direkt messbar ist. Da eine Vielzahl von potentiellen Wirkstoffen getestet werden müssen, sollte das Verfahren darüber hinaus einfach durchzuführen und automatisierbar sein.

Das erste zellfreie Transkriptionsverfahren wurde von Weil et al. beschrieben (Weil, P.A., Luse, D.S., Segall, J., Roeder, R.G. (1979) Cell 18, 469-484). Dabei wurden angereicherte Extrakte aus Zellkernen, sogenannte S100-Extrakte (Weil, P.A., Segall, J., Harris, B. Ng, S.Y., Roeder, R.G. (1979) J. Biol. Chem. 254, 6163-6173) und gereinigte RNA-Polymerase II für die in vitro Transkription eingesetzt. Ohne exogene RNA Polymerase II waren diese angereicherten, aber nicht weiter aufgereinigten Kernextrakte nicht transkriptionsfähig (Weil, P.A., Luse, D.S., Segall, J., Roeder, R.G. (1979) Cell 18, 469-484; Dignam, J.D., Martin, P.L., Shastry, B.S., Roeder, R.G. (1983) Methods in Enzymology 101, 582-598).

Ausgehend von solchen Kernextrakten wurden anschließend Verfahren entwickelt, mit denen über mehrstufige Reinigungsschritte Transkriptionsfaktoren isoliert werden können. Unter anderem beinhalten diese Verfahren Reinigungsschritte, bei denen die Kernextrakte chromatographisch über kernproteinbindende Materialien, wie z.B. über Phosphocellulosesäulen, gereinigt werden. Dignam et al. haben im Rahmen dieser aufwendigen, mehrstufigen Verfahren für einen der Reinigungsschritte erstmals die Verwendung des käuflichen P11-Systems® (Whatman, Maidstone, England) beschrieben (Dignam, J.D., Martin, P.L., Shastry, B.S., Roeder, R.G. (1983) Methods in Enzymology 101, 582-598).

Die mehrstufigen Aufreinigungsverfahren wurden immer mehr angepaßt, so daß es mittlerweile möglich ist, aus den Extrakten von Zellkernen über aufwendige Verfahren einzelne Transkriptionsfaktoren zu isolieren. Darüber hinaus sind einzelne Faktoren beziehungsweise deren Untereinheiten, jetzt auch rekombinant verfügbar, wie z.B. TFIIA, TFIIB, TFIIE α , TFIIE β und TFIIIF (Zawel, L. und Reinberg, D. (1995) Annu. Rev. Biochem. 64, 533-561).

Es gibt deshalb heute bereits Transkriptionssysteme, die aus einer Mischung von rekombinanten und natürlichen gereinigten Faktoren bestehen. Für ein Screeningverfahren mit hohem Probendurchsatz, sind solche Transkriptionssysteme bisher jedoch technisch zu aufwendig und zu teuer. In anderen Transkriptionssystemen, z.B. unter Verwendung von Extrakten aus Zellkernen anstelle von rekombinanten oder gereinigten Faktoren, treten dagegen viele Nebenreaktionen auf. In unzureichend oder nicht aufgereinigten Kernextrakten (grobe Extrakte) wirken sich vor allem Nukleinsäuren und DNA-bindende Proteine, beispielsweise Repressoren wie z.B. Histone störend auf die in vitro Transkription aus. Bei den in groben Extrakten enthaltenen Nukleinsäuren stören insbesondere DNA-Sequenzen, die für t-RNAs kodierenden Sequenzen zu einem Überschuß an unspezifischen Transkripten. Die unspezifischen Transkripte müssen dann erst durch aufwendige Reinigungsschritte abgetrennt werden, bevor die spezifischen Transkripte nachgewiesen werden können.

Um die Ergebnisse von in vitro Transkriptionen quantitativ bestimmen zu können, wurden Vektoren entwickelt, bei denen die zu transkribierende DNA-Sequenz keine Guanin-Basen enthält (eine sogenannte G-freie Sequenz bzw. G-freie Kasette) wobei sich an die G-freie Sequenz gegebenenfalls ein Sequenzabschnitt anschließt, der sehr viele Guanine enthält. Durch die Verwendung dieser Vektoren ist es möglich, daß die Transkription in Abwesenheit von GTP durchgeführt wird. Dadurch werden nur G-freie Sequenzen, nicht aber andere, G-enthaltende Sequenzen transkribiert. Auf diese Weise werden spezifische Transkripte erhalten, die darüber hinaus eine (nahezu) einheitliche Länge aufweisen. Sawadogo und Roeder haben erstmals die Verwendung eines Vektors für Transkriptionen beschrieben, bei dem eine 400 Nukleotide lange Sequenz unter der Kontrolle des ML-(adenovirus major late) Promotors vorliegt. Mit diesem Vektor werden Transkripte mit einer Länge von etwa 400 Nukleotiden erhalten (Sawadogo, M. und Roeder, R.G. (1985) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82, 4394-4398).

Mit Hilfe dieser Vektoren wurden deutlich weniger unspezifische Transkripte erhalten, weshalb die Verwendung dieser Vektoren in Transkriptionsreaktionen seitdem vielfach beschrieben wurde (Goppelt, A., Stelzer, G., Lottspeich, F., Meisterernst, M. (1996) EMBO J. 15, 3105-3115; Kretzschmar, M., Kaiser, K., Lottspeich, F., Meisterernst, M. (1994) Cell

78, 525-534; Meisterernst, M. Roy, A.L., Lieu, H.M. and Roeder, R.G. (1991) Cell 66, 981-993).
Bisher wurden allerdings ausschließlich Vektoren verwendet, bei denen die G-freie Sequenz eine Länge von 400 Nukleotiden nicht überschreitet.

Um die Ergebnisse der bisher beschriebenen Transkriptionsverfahren quantitativ und qualitativ zu bestimmen, werden die Transkription in Gegenwart von radioaktiv markierten Nukleotiden durchgeführt und die radioaktiv markierten Transkripte nach Phenolisierung und Fällung auf einem Gel aufgetrennt. Auf diese Weise werden nicht nur falsch initiierte oder falsch terminierte Transkripte sowie unspezifisch markierte Nukleinsäuren (z.B. durch das Plasmid verursachte Transkripte oder tRNAs) sondern auch überschüssige Nukleotide von dem spezifischen Transkript abgetrennt. Das Verhältnis der Aktivitäten von überschüssigen radioaktiv markierten Nukleotiden zu radioaktiv markierten Transkripten beträgt in ungünstigen Fällen etwa 10.000: 1, so daß die markierten Transkripte etwa 10.000-fach angereichert werden müssen. Diese Anreicherung des spezifischen Transkripts wird durch die Fällungsschritte und die elektrophoretische Auftrennung erreicht. Diese Anreicherungsschritte sind aber für ein automatisiertes Massenscreening nicht geeignet, weshalb alternative Verfahren entwickelt werden müssen, um markierte Nukleotide in einem Maße zu entfernen, die noch eine quantitative Auswertung der Ergebnisse der Transkription erlauben.

Die Transkription kann auch durch Auftragen der Reaktionslösung auf eine Membran, beispielsweise eine DEAE-Cellulose Membran verfolgt werden. Die radioaktiv markierten Transkripte können dann direkt auf der Membran detektiert werden. Allerdings wurde die Verwendung von Membranen bisher nur für den Nachweis von Transkripten aus in vitro Transkriptionen, die in Gegenwart von gereinigten RNA Polymerasen II (Roeder, R.G. (1974) J. Biol. Chem. 249, 241-248) oder gereinigten basalen Transkriptionsfaktoren (Ohkuma, Y., Sumimoto, H., Horikoshi, M., Roeder, R.G. (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87, 9163-9167) durchgeführt wurden, erfolgreich eingesetzt. Es gibt keinerlei Hinweise darauf, daß Transkripte, die mit Hilfe von angereicherten und gegebenenfalls vorgereinigten Extrakten aus Zellkernen erhalten werden, auf diese Weise detektiert werden können.

Die Transkription von Genen für ein Wirkstoffscreening zu nutzen wurde bereits in WO 96/26959 beschrieben. Dort werden die Sequenzen humaner NFATs (hNFAT) und deren mögliche Verwendung in Transkriptionsassays, die wiederum zum möglicherweise automatisierten Massenscreening von Naturstoffen eingesetzt werden sollen, offenbart. Im Gegensatz zu dem im folgenden beschriebenen Transkriptionsverfahren, handelt es sich bei diesem Transkriptionsassay um einen reinen Bindungsassay, bei dem keine Transkriptionsreaktion durchgeführt wird.

Ein weiterer Bindungsassay, der zum Screening von Substanzen, die die Bindung von Transkriptionsfaktoren an Nukleinsäuren inhibieren können, verwendet werden kann, wurde in US 5,563,036 beschrieben. Auch bei diesem Assay wird keine Transkription durchgeführt.

Ein weiteres Beispiel für einen Bindungsassay, der ebenfalls zur Auffindung von Substanzen eingesetzt werden soll, die die Bindung von, in diesem Falle einem Tumornekrosefaktor- Rezeptor assoziierten Protein (TRADD) an bestimmte DNA-Sequenzen inhibieren können, ist in US 5,563,039 beschrieben.

Eine Aufgabe der vorliegenden Erfindung ist es, ein einfach und reproduzierbar durchzuführendes, universell einsetzbares, insbesondere für ein Massenscreening geeignetes Verfahren zur Analyse der Transkription von Genen, z.B. von zellulären und viralen Genen unter definierten Reaktionsbedingungen bereitzustellen.

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur zellfreien in vitro Transkription eines DNA-Templates, welches eine zu transkribierende DNA-Sequenz, die unter der Kontrolle eines oder mehrerer genregulatorischer Elemente vorliegt, enthält und wobei

- a) für die Transkription ein angereicherter und gegebenenfalls aufgereinigter Extrakt aus Zellkernen, der gegebenenfalls durch Transkriptionsfaktoren und/oder Kofaktoren ergänzt beziehungsweise teilweise oder ganz ersetzt werden kann und mindestens ein markiertes Nukleotid verwendet wird,
- b) im Anschluß an die Transkription die im Ansatz enthaltenen Proteine gegebenenfalls abgetrennt und/oder degradiert werden,
- c) das markierte Transkript an einen festen Träger gebunden wird,
- d) die überschüssigen markierten Nukleotide entfernt werden und
- e) die Menge an markiertem Transkript bestimmt wird.

Das Verfahren beinhaltet die eigentliche Transkriptionsreaktion (a), die Abtrennung des spezifischen Transkripts (b, c, d) und die Detektion des spezifischen Transkripts (e).

Das Verfahren beinhaltet besondere Ausführungsformen für die Abtrennung des spezifischen Transkripts, wobei die genannte Reihenfolge von b, c und d nur eine Möglichkeit ist. Die Reihenfolge der Abtrennung des spezifischen Transkripts kann gegebenenfalls auch c, d, b oder d, b, c sein. Weiterhin kann bei bestimmten Ausführungsformen der Erfindung auf einzelne Abtrennungsschritte verzichtet werden. Beispielsweise kann das Transkriptionsverfahren nur die Schritte a, c, d und e oder nur die Schritte a, c und e oder nur a, b, c und e oder nur a, b, d und e oder nur a, b und e oder nur a, d und e beinhalten.

Ein besonderes Merkmal des Verfahrens ist, daß alle Verfahrensschritte, also die eigentliche Transkriptionsreaktion

(Transkription) sowie die Abtrennung und Detektion des spezifischen Transkripts automatisierbar sind, wobei eine einfache und zuverlässige Bestimmung der Menge des unter den jeweiligen Reaktionsbedingungen erhaltenen spezifischen Transkripts und damit der Transkriptionsrate möglich ist.

Die Transkriptionsrate gibt an, wie oft ein bestimmtes Gen pro Zeiteinheit transkribiert wird bzw. im beschriebenen Transkriptionsverfahren, wie oft die zu transkribierende DNA-Sequenz pro Zeiteinheit transkribiert wird. Um die Transkriptionsrate zu bestimmen, wird die Menge an radioaktiv markiertem Transkript, die nach einer definierten Zeiteinheit erhalten wird, bestimmt.

Das Verfahren beinhaltet, daß die Transkription in Gegenwart von Aktivatoren und/oder Inhibitoren durchgeführt wird, d.h. in Gegenwart von Komponenten, die die Transkription positiv oder negativ beeinflussen. Beispielsweise kann ein transkriptionsfähiger Extrakt aus Zellkernen für die basale Transkription eingesetzt werden. Dieses basale Transkriptionssystem kann durch Aktivatoren und/oder Inhibitoren ergänzt werden. Im Vergleich zur basalen Transkription führt eine Inhibierung der Transkription zu einer verminderten Transkriptionsrate und damit zu einer geringeren Menge an spezifischem Transkript/Zeiteinheit, während eine Aktivierung der Transkription zu einer erhöhten Transkriptionsrate und damit zu einer größeren Menge an spezifischem Transkript/Zeiteinheit führt.

Die Transkription von Genen läßt sich in mehrere Schritte einteilen - die Bildung des Pre-Initiations-Komplexes (PIC), Aktivierung des PIC, Initiation, "Promotor Clearance", Elongation und Termination. Für die Initiation der Transkription bei Eukaryoten sind RNA-Polymerasen (für die Transkription von proteinkodierenden Genen RNA Polymerase II) und DNA-bindende Proteine, die die spezifische Wechselwirkung der RNA Polymerase II mit der DNA ermöglichen, nötig. Diese DNA-bindenden Proteine bezeichnet man als Transkriptionsfaktoren, wobei die generellen Transkriptionsfaktoren im wesentlichen an der Wechselwirkung mit dem Promotor beteiligt sind, während die spezifischen Transkriptionsfaktoren die Wirkung genregulatorischer Elemente, die stromabwärts oder stromaufwärts des Promotors lokalisiert sind, vermitteln.

An der Transkription eukaryotischer Gene sind die generellen Transkriptionsfaktoren TFIIA, TFIIB, TFIID, TFIIE, TFIIF und TFIIH beteiligt. Eine transkriptionsfähige Proteinfraction, die für eine geringfügige, basale Aktivität von Genen verantwortlich ist, enthält je nach Promotor alle bzw. die meisten dieser generellen Transkriptionsfaktoren und RNA Polymerase II (RNA Pol II). Eine basale Aktivität des ML-Promotors wird z.B. durch TBP (TATA-bindende Unter-einheit von TFIID), TFIIB, TFIIE, TFIIF, TFIIH und RNA Pol II erreicht. Proteinfractionen, die eine solche basale Aktivität hervorrufen werden als basale Transkriptionssysteme bezeichnet. Dieser Begriff wird im Sinne der Erfindung auch für einen angereicherten und gegebenenfalls aufgereinigten Extrakt aus Zellkernen verwendet. Eine Transkription, die mit Hilfe eines basalen Transkriptionssystems durchgeführt wird, wird als basale Transkription bezeichnet. Um eine zellfreie Transkription in vitro durchzuführen, wird mindestens ein basales Transkriptionssystem, Nukleotide und ein zu transkribierendes DNA-Template benötigt.

Für die aktivierte Transkription werden zusätzlich zu den generellen Transkriptionsfaktoren bzw. zu einem basalen Transkriptionssystem spezifische Transkriptions- und Kofaktoren (accessorische Proteine) benötigt (Kaiser, K., Stelzer, G. und Meisterernst, M. (1995) EMBO J. 14, 3520-3527). Spezifische Transkriptionsfaktoren sind in der Lage, die nur geringe basale Transkription bestimmter Gene um ein vielfaches zu verstärken und die Häufigkeit der Transkriptionsinitiation zu steuern. DNA-bindende Proteine sind auf diese Weise maßgeblich dafür verantwortlich, wie oft ein Gen transkribiert wird (Transkriptionsrate). An diesem Regulationsprozess sind auch andere Proteine, die nicht direkt an die DNA binden, sondern über Protein-Protein Wechselwirkungen die Aktivitäten von Transkriptionsfaktoren oder RNA-Polymerasen II beeinflussen, wie z.B. Kofaktoren, beteiligt.

Das Verfahren beinhaltet, daß für die basale Transkription ein angereicherter Extrakt aus Zellkernen (Zellkernextrakt bzw. Kernextrakt) eingesetzt wird. Im Bezug auf diesem Parameter ist das Verfahren universell einsetzbar; das gilt sowohl für die verwendete Zelle, als auch für die verwendete eukaryotische Spezies. Beispielsweise können z.B. angereicherte Kernextrakte aus von menschlichen oder tierischen Zellen abgeleiteten Zelllinien gewonnen werden. Insbesondere sind Zellen geeignet, die in Fermentern im großen Maßstab kultiviert und vermehrt werden können, wie z.B. HeLa Zellen. Weiterhin können Extrakte aus den Zellkernen ausgewählter Zelltypen, insbesondere von solchen, die sich z.B. durch ihre zelltypspezifische, zellzyklusspezifische, entwicklungsspezifische, differenzierungsspezifische oder erkrankungsspezifische Ausstattung mit Transkriptions- und/oder Kofaktoren auszeichnen, verwendet werden. Insbesondere können Zelltypen verwendet werden, denen eine zentrale Rolle bei der Entstehung von Krankheiten zukommt, wie z.B. Zellen des Immunsystems (z.B. B- und T-Zellen).

Ein besonderer Vorteil des Verfahrens ist, daß auch Kernextrakte aus Geweben oder Tumorzellen isoliert und verwendet werden können. Dies ist besonders vorteilhaft in den Fällen, in denen keine geeignete Zelllinie verfügbar ist. Insbesondere können Kernextrakte aus leicht zugänglichen Geweben, wie aus tierischen oder menschlichen Nabelschnüren, tierischen oder menschlichen Transplantations-Abfallprodukten, tierischem oder menschlichem Biopsiematerial oder tierischem oder menschlichem Tumorgewebe (z.B. operativ entferntes Gewebe), tierischer oder menschlicher Placenta isoliert und für das Verfahren eingesetzt werden.

Das Verfahren beinhaltet, daß für die Anreicherung von Kernproteinen aus den Zellkernen von frischen oder tiefgefrorenen Zellen oder aus frischen oder tiefgefrorenen Zellkernen, angereicherte Kernextrakte nach bekannten Ver-

fahren hergestellt werden, beispielsweise nach einer Methode, die von Dignam et al. beschrieben wurde (Dignam, J.D., Martin, P.L., Shastry, B.S., Roeder, R.G. (1983) *Methods in Enzymology* 101, 582-598; Dignam, J.D., Lebovitz, R.M., Roeder, R.G. (1983) *Nucleic Acid Res.* 11, 1475-1489). Eine besondere Ausführungsform des Verfahrens ist, daß für die Herstellung eines angereicherten Kernextrakts Verfahren benutzt werden, die ein Homogenisation der Zellkerne mit anschließender Dialyse des Homogenats beinhalten.

Eine wichtige Ausführungsform des Verfahrens beinhaltet, daß der angereicherte Extrakt aus Zellkernen durch einen oder mehrere Reinigungsschritte, insbesondere einfache Reinigungsschritte in dem Maße aufgereinigt wird, daß er transkriptionsfähig ist, d.h. das bei Durchführung des Verfahrens ein spezifisches Transkript erhalten wird. Beispielsweise kann der Extrakt chromatographisch aufgereinigt werden. Die Reinigung kann z.B. über kernproteinbindende Materialien wie Phosphocellulose, DEAE-Cellulose oder auch Heparin-Sepharose erfolgen. Alternativ können für die Reinigung Kationen- und/oder Anionenaustauschersäulen oder spezifische Affinitätssäulen, z.B. solche, bei denen an das Säulenmaterial Antikörper oder Oligonukleotide gebunden sind, eingesetzt werden.

Eine besondere Ausführungsform des Verfahrens beinhaltet, daß ein angereicherter Kernextrakt über eine Phosphocellulosesäule, insbesondere eine P11®-Säule (P11®-System, Whatman, Maidstone, England) aufgereinigt wird. Eine weitere besondere Ausführungsform des Verfahrens beinhaltet, daß der angereicherte Kernextrakt nur über einen einzigen Schritt aufgereinigt wird, beispielsweise über eine einzige P11®-Säule, oder eine einzige Säule mit Säulenmaterial, das DEAE-Cellulose oder Heparin-Sepharose enthält.

Bei einer speziellen Ausführungsform der P11®-Reinigung wird der Kernextrakt zuerst in Gegenwart eines Puffers, der neben anderen Bestandteilen, 0,05 bis 0,15 M, vorzugsweise 0,1 M KCl enthält, an die Phosphocellulose gebunden. Durch das Waschen der beladenen Säule mit geeigneten Puffern, vorzugsweise mit einem Puffer, der 0,05 bis 0,15 M KCl, vorzugsweise 0,1 M KCl enthält, werden unspezifische und störende Komponenten von der Säule gewaschen. Die transkriptionsfähigen Komponenten werden vorzugsweise in zwei Fraktionen von der Säule eluiert, wobei zuerst ein Puffer der beispielsweise 0,4 bis 0,6 M KCl, vorzugsweise 0,5 M KCl enthält, und im Anschluß ein Puffer, der beispielsweise 0,7 bis 1 M KCl, vorzugsweise 0,85 M KCl enthält, verwendet wird.

Eine spezielle Ausführungsform des Verfahrens ist, daß die Transkription mit Hilfe eines angereicherten, gegebenenfalls aufgereinigten Kernextrakts in Gegenwart von exogener RNA Polymerase II durchgeführt wird. Als RNA-Polymerase kann vorzugsweise eukaryotische RNA-Polymerase vom Typ II (RNA-Polymerase II), insbesondere tierische oder menschliche RNA-Polymerase II verwendet werden.

Eine weitere Ausführungsform des Verfahrens beinhaltet, daß ein angereicherter und gegebenenfalls aufgereinigter Kernextrakt durch Zusatz von Proteinen, beispielsweise von Transkriptionsfaktoren und/oder Kofaktoren (accessorischen Proteinen) ergänzt beziehungsweise ganz oder teilweise ersetzt werden kann. Diese Proteine können beispielsweise aus den Kernen von Zellen aufgereinigt oder rekombinant hergestellt werden.

Eine spezielle Ausführungsform des Verfahrens ist, daß der Kernextrakt nur durch einen Transkriptions- und/oder Kofaktor ergänzt wird. Im anderen Extrem beinhaltet das Verfahren, daß eine transkriptionsfähige Protein-Fraktion (basales Transkriptionssystem) vollständig aus aufgereinigten oder rekombinant hergestellten Transkriptions- und/oder Kofaktoren sowie RNA-Polymerasen zusammengestellt wird.

Als Transkriptionsfaktoren können beispielsweise generelle und/oder spezifische Transkriptionsfaktoren bzw. Teile derselben, gegebenenfalls als Fusionsproteine, eingesetzt werden.

Als generelle Transkriptionsfaktoren können beispielsweise TFIIA, TFIIB, TFIID, TFIIE, TFIIF, TFIH, TFIJ und TBP (TATA-binding protein) eingesetzt werden.

Als spezifische Transkriptionsfaktoren können beispielsweise NFκB, AP1, NFAT, GATA3, TCF/Lef, CBF, Tat, Mitglieder der fos/jun Familie, der Oct Familie (Oct-1, Oct-2) und damit wechselwirkende Faktoren wie z.B. Bob1, OCA-B oder OBF, der Ets Familie, Aktivatoren der Familie der ATF/CREB Proteine, nukleäre Rezeptoren wie z.B. PPARα oder die entsprechend zelltyp-spezifischen Isoformen von Transkriptionsfaktoren verwendet werden (Kel, O.V., Romaschenko, A.G., Kel, A.E., Wingender, E., Kolachenov, N.A., (1995) *Nucl. Acids. Res.* 20, 3-16).

Weitere Beispiele für spezifische Transkriptionsfaktoren sind:

1. Protoonkogene, beispielsweise jun, fos, ets, myc, bc-Isoformen und erb
2. Hormonrezeptoren, beispielsweise (erb), Glukokortikoid-, Estrogen-, Retinolsäure-, Vitamin D-Rezeptoren oder
3. Tumorsuppressoren, beispielsweise p53, NF1, WT1, RB
4. virale Pathogene, beispielsweise Proteine des Herpes Simplex-Virus, wie z.B. VP16 oder ICP4, des Papillomavirus, wie z.B. E1, E2, E6 oder E7, des Adenovirus, wie z.B. E1A oder E2A, des Cytomegali-Virus, wie z.B. IE86, des Hepatitis B-Virus, wie z.B. pX, des HIV-Virus, wie z.B. Tat oder Rev
5. zelltyp- und/oder gewebespezifische Faktoren, wie beispielsweise myogene Faktoren, Pit-1, Oct-2, Pu-1, OCA-B oder HNFs oder T-Zell spezifische Faktoren wie Ets-1, GATA3, TCF/Lef, CBF,
6. STAT-Proteine (Signal transducers and activators of transcription) beispielsweise Zytokin-aktivierte Transkriptionsfaktoren, wie z.B. IL-1 Stat, IL-2 Stat, IL-3 Stat, IL-4, IL-5 Stat, IL-6 Stat, IL-7 Stat, IL-8 Stat, IL-9 Stat, IL-10 Stat, IL-11 Stat, IL-12 Stat ("Stat" bedeutet Protein, das die Wirkung vermittelt) oder

7. Proteine, die an second messenger Transduktionskaskaden beteiligt sind, beispielsweise CREB oder abl,
8. nukleäre Rezeptoren, beispielsweise "second messenger"-Rezeptoren (beispielsweise cAMP- oder IP₃-Rezeptoren, Ca²⁺-abhängige Rezeptoren), Retinolsäure-Rezeptoren, Glukokortikoidrezeptoren oder Steroidrezeptoren,
9. genspezifische Aktivatoren oder Inhibitoren, beispielsweise spezifische Aktivatoren des IL-2-Gens, wie NFκB, AP1 oder NFAT,
10. entwicklungsspezifisch, zellzyklusspezifisch und differenzierungsabhängig exprimierte Transkriptionsfaktoren.

Kofaktoren sind beispielsweise über Protein-Protein-Wechselwirkungen und/oder Protein-DNA-Wechselwirkungen direkt oder indirekt an der Transkription beteiligt. Einige Kofaktoren sind bereits in einem basalen Transkriptionssystem vorhanden, andere erst im aktivierten Transkriptionssystem. Kofaktoren können die Transkriptionsrate positiv oder negativ beeinflussen. Als Kofaktoren können beispielsweise

- TBP-assoziierte Faktoren (TAFs), z.B. TAF_{II}30, TAF_{II}40, TAF_{II}55, TAF_{II}60, TAF_{II}110, TAF_{II}150 TAF_{II}250 (Verrijzer, C.P. und Tjian, R. (1996) Trends Biochem. Sci. 21, 338-342; TAFs bilden zusammen mit TBP den TFIID-Komplex, wobei die Zusammensetzung der TAFs im TFIID erheblich variieren kann);
- Mediatoren, d.h. Kofaktoren, die mit der RNA Polymerase II assoziiert sind, wie beispielsweise CTD (carboxyterminal domain)-interagierende Proteine und/oder Repressoren und/oder Aktivatoren der RNA Polymerase II, insbesondere RAP 30, RAP 74, RAP 38, SR7 (Suppressor der RNA Polymerase B, SRB), Zykline oder Kinasen (z.B. CKII);
- Generelle Kofaktoren;
- Kofaktoren, die in der USA (upstream stimulatory activity)-Fraktion enthalten sind (Kaiser, K. und Meisterernst, M. (1996) Trends Biochem. Sci., 342-345);
- Positive Kofaktoren, beispielsweise PC1, PC2, PC4 (p15), PC5, PC6, Dr2 (D Repressor 2)/PC3, ACF (Aktivierender Kofaktor), CofA (Kofaktor A), HMG-Proteine (chromatin-assoziiated high mobility group proteins);
- Negative Kofaktoren, beispielsweise NC1, NC2 und/oder
- Spezifische Kofaktoren

eingesetzt werden.

Das Verfahren beinhaltet, daß für die Transkription ein DNA-Template eingesetzt wird, das ein oder mehrere genregulatorische Elemente und eine zu transkribierende DNA-Sequenz enthält.

Ein Gegenstand der Erfindung ist ein DNA-Template, das in dem beschriebenen Verfahren zur zellfreien in vitro Transkription eingesetzt werden kann. Das DNA-Template enthält ein oder mehrere genregulatorische Elemente und eine zu transkribierende DNA-Sequenz. Das DNA-Template kann zusätzlich weitere Sequenzabschnitte enthalten.

Ein genregulatorisches Element kann ein bekanntes oder zu untersuchendes genregulatorisches Element oder ein Konstrukt aus einem oder mehreren bekannten und einem oder mehreren zu untersuchenden genregulatorischen Elementen sein.

Ein genregulatorisches Element kann beliebige an der Genregulation beteiligte DNA-Sequenzen oder Abschnitte davon enthalten. Im Bezug auf das genregulatorische Element ist das DNA-Template bzw. das Verfahren universell, wobei das genregulatorische Element vorzugsweise aus einem eukaryotischen Gen stammt beziehungsweise diesem entspricht. Das genregulatorische Element kann ein zelluläres oder virales genregulatorisches Element oder ein synthetisches genregulatorisches Element sein. Vorzugsweise enthält ein genregulatorisches Element unter anderem DNA-Sequenzen, die Bindungsstellen für DNA-bindende Proteine (Protein-bindende DNA-Sequenzen, beispielsweise Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren oder Fusionsproteine) darstellen. Ein genregulatorisches Element kann einen Promotor (Promotorsequenz) und/oder einen oder mehrere Enhancer (Enhancersequenz) und/oder einen oder mehrere Silencer (Silencersequenz) enthalten. Vorzugsweise kann das genregulatorische Element natürlich und/oder künstlich angeordnete Promotor-, Enhancer- und/oder Silencersequenzen oder Teile davon enthalten.

Ein Promotor kann eine "TATA"-Box und/oder eine Initiator-Region (INR) (Transkriptionsstartpunkt) enthalten. Der Promotor kann eine "GC"-Box und/oder eine "GAAT"-Box enthalten.

In einer speziellen Ausführungsform des DNA-Templates ist das genregulatorische Element ein Modellpromotor.

Ein Modellpromotor enthält einen Promotor und zusätzliche proteinbindende DNA-Sequenzen und gegebenenfalls weitere genregulatorische Elemente. Vorzugsweise enthält der Modellpromotor eine "TATA"-Box und eine Initiatorregion. In einer speziellen Ausführungsform enthält der Modellpromotor die "TATA"-Box des humanen T-Zellrezeptors Vβ8.1 und die Initiator-Region des ML-Promotors. Diese beiden basalen Promotorelemente ermöglichen eine basale Transkription in vitro. Darüber hinaus hat dieser spezielle Modellpromotor 5 Bindungsstellen für das Hefe Gal4 Protein. Der Modellpromotor kann beliebig, z. B. mit Hilfe von molekularbiologischen Methoden verändert werden, beispielsweise indem der Modellpromotor durch, z.B. ein zu untersuchendes genregulatorisches Element ergänzt wird und/oder dadurch, daß einzelne Bereiche des Modellpromotors durch weitere genregulatorische Elemente, z.B. ein zu untersuchendes genregulatorisches Element ersetzt wird.

Um eine Manipulation des Modellpromotors zu ermöglichen, enthält dieser vorzugsweise ein oder mehrere singuläre Schnittstellen für Restriktionsendonukleasen. In einer speziellen Ausführungsform des Modellpromotors ist mindestens eine singuläre Schnittstelle für eine Restriktionsendonuklease zwischen der "TATA"-Box und den Gal4-Bindungsstellen lokalisiert.

In den Modellpromotor können zusätzlich zu den bereits vorhandenen proteinbindenden (z.B. zusätzlich zu den Gal4 Sequenzen), weitere proteinbindende Sequenzen integriert werden. Das ist insbesondere dann interessant, wenn beispielsweise zusätzlich zu einem bereits untersuchten Transkriptionssystem weitere zu untersuchende, z.B. spezifische Transkriptionsfaktoren zugegeben werden.

Das Verfahren beinhaltet, daß in Kombination mit dem Modellpromotor auch Fusionsproteine als Aktivatoren und/oder Inhibitoren der Transkription eingesetzt werden können. Solche Fusionsproteine können beispielsweise aus einer DNA-bindenden Domäne, wie beispielsweise der DNA-bindenden Domäne des Hefe Gal4 Proteins und einer spezifischen Aktivierungsdomäne, wie beispielsweise der Aktivierungsdomäne des HSV Aktivators VP16 bestehen. Mit Hilfe von Fusionsproteinen können definierte Aktivatoren und/oder Inhibitoren beziehungsweise Teile derselben, z.B. deren Aktivierungs- beziehungsweise Inhibierungsdomänen im Bezug auf ein zu untersuchendes genregulatorisches Element hintergrundfrei analysiert werden. Beispielsweise ist dies möglich, wenn die DNA-bindende Domäne von einem DNA-bindenden Protein stammt, das in dem verwendeten Transkriptionssystem (z. B. dem angereicherten Kernextrakt) nicht enthalten ist. Beispielsweise kann die Aktivator-(domäne) eines Transkriptionsfaktors, die als Fusionsprotein mit einer Hefe Gal4-Bindungsdomäne vorliegt, hintergrundfrei analysiert werden, wenn angereicherte Kernextrakte aus Säugetierzellen in dem Verfahren eingesetzt werden, da Kernextrakte aus Säugetierzellen kein Gal4 enthalten.

Als genregulatorische Elemente und zu untersuchende genregulatorische Elemente können definierte menschliche und/oder tierische und/oder virale genregulatorische Elemente, insbesondere die genregulatorischen Elemente von pathologisch interessanten Genen verwendet werden. Beispiele hierfür sind die genregulatorischen Elemente der Gene von Adhäsionsmolekülen, Wachstumsfaktoren, Phosphodiesterasen, Phosphatasen, Kinasen, ATPasen, Membranrezeptoren, second messenger Rezeptoren, Hormonrezeptoren, z.B. Steroidrezeptoren, Metalloproteasen, Immunophilinen, NO-Synthasen, 5-Lipoxygenasen oder immunologische Targets, wie die genregulatorischen Elemente von Zytokinen, z.B. von Interleukinen, wie die Promotoren von T- oder B-zellspezifisch exprimierten Genen, z.B. vom CD4 Rezeptor, TCR oder BCR (T- oder B-Zellrezeptoren), wie die Promotoren von lymphoidspezifischen Genen, z.B. vom TNF (Tumornekrosefaktor) oder wie die genregulatorischen Elemente T-zellspezifischer Retroviren, z.B. von HTLV-1 oder HIV-1.

Ein besonderer Vorteil des Verfahrens bzw. des Modellpromotors ist, daß als genregulatorische Elemente sowohl solche Promotoren verwendet werden können, die eine "TATA"-Box enthalten, wie z.B. der Promotor des Gens, das für Interleukin-2 (IL-2) kodiert als auch Promotoren, die keine "TATA"-Box enthalten, wie z.B. der Promotor des Gens, das für die β -Kette des T-Zellrezeptors kodiert. Beispielsweise können Promotoren, die keine "TATA"-Box enthalten in den Modellpromotor bzw. das universelle Reporterplasmid pGS100 integriert und für die Transkription eingesetzt werden.

Die zu transkribierende DNA-Sequenz ist dadurch gekennzeichnet, daß eine oder mehrere Nukleobasen in dieser Sequenz nicht enthalten sind. Vorzugsweise enthält die zu transkribierende DNA-Sequenz wahlweise entweder kein Guanin oder kein Cytosin oder kein Thymin, d.h. die Sequenz ist G-frei, C-frei oder T-frei. Weiterhin kann die Sequenz auch mehrere Nukleobasen, wie beispielsweise Guanin und Thymin oder Guanin und Cytosin oder Cytosin und Thymin nicht enthalten.

Insbesondere werden G-freie, T-freie oder C-freie Sequenzen verwendet, bei denen die G-freie, T-freie oder C-freie Sequenz eine Länge von mehr als 400 Nukleotiden aufweist, vorzugsweise zwischen 400 und 2000 Nukleotiden oder länger aufweist. Insbesondere werden Sequenzen benutzt, die eine Länge von etwa 500, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 1600, 1700, 1800, 1900, 2000, 5000 oder mehr Nukleotiden haben. Besonders bevorzugte Längen für Sequenzen, die eine spezielle Nukleobase nicht enthalten, sind Längen von etwa 800, 1200, 1600, 2200 Nukleotiden.

Das DNA-Template kann eine lineare oder zirkuläre DNA-Sequenz sein, beispielsweise kann das DNA-Template eine mit der Polymerase Kettenreaktion hergestellte lineare Sequenz oder ein Plasmid sein.

Eine Ausführungsform ist, daß das DNA-Template ein Plasmid ist und aus einem ganzen oder einem Teil eines Vektors, einem Modellpromotor und einer zu transkribierenden DNA-Sequenz, die beispielsweise G-frei, T-frei oder C-frei ist, aufgebaut ist.

Gegenstand der Erfindung ist ein universell einsetzbares Reporterplasmid (Universelles Reporterplasmid). Das universelle Reporterplasmid enthält singuläre Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen PstI, EcoRI, SacI, KpnI, SacII, BamHI, SwaI, einen Teil des pUC19 Plasmids, fünf Bindungsstellen für das Hefe Gal4 Protein, die "TATA"-Box des humanen T-Zellrezeptors V β 8.1 zwischen den Restriktionsschnittstellen für SacII und BamHI, die INR (Initiator)-Region des ML-Promotors (adenovirus major late promoter) zwischen den Restriktionsschnittstellen BamHI und SwaI und eine G-freie Sequenz mit einer Länge von etwa 800 Nukleotiden (Basenpaaren). Der Modellpromotor in dem universellen Reporterplasmid ist ein synthetischer Promotor, der 5 Hefe Gal4 Bindungsstellen, die singulären Schnittstellen für PstI, EcoRI, SacI, KpnI, SacII, BamHI und SwaI, die TATA-Box des humanen T-Zellrezeptors V β 8.1 und die INR

des ML Promotors enthält. Beliebige zu untersuchende genregulatorische Elemente können in diese Promotorregion integriert werden. Es können Teil des Modellpromotors oder der vollständige Modellpromotor entfernt und durch zu untersuchende genregulatorische Elemente ersetzt werden.

Eine Ausführungsform des universellen Reporterplasmids wird als pGS100 bezeichnet (Fig. 2).

Eine Ausführungsform des universellen Reporterplasmids pGS100 ist dadurch gekennzeichnet, daß sich der synthetische Promotor im Sequenzbereich zwischen den Nukleotidpositionen 2168 und 2337 befindet. Der Initiatorbereich des adenoviralen "major late" (ML) Promotors befindet sich an den Nukleotidpositionen 2322 bis 2337 und der Bereich mit TATA-Box des humanen T-Zellrezeptor V β 8.1 Promotors an den Nukleotidpositionen 2289 bis 2316. Die fünf Bindungsstellen für das Hefe Gal4 Protein befinden sich zwischen den Nukleotidpositionen 2168 bis 2260.

Eine weitere Ausführungsform des universellen Reporterplasmids pGS100 ist durch die Nukleotidsequenz (SEQ ID NO. 1) in Tabelle 1 gegeben.

Eine weitere Ausführungsform des universellen Reporterplasmids pGS100 wurde bei der DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Mascheroder Weg 1b, D-38124 Braunschweig unter der DSM-Nummer 11450 gemäß den Bestimmungen des Budapester Vertrages über die internationale Anerkennung der Hinterlegung von Mikroorganismen für die Zwecke von Patentverfahren hinterlegt.

Das Verfahren beinhaltet, daß Proteine, die die Detektion des spezifischen Transkripts direkt oder indirekt in der Weise stören, daß kein eindeutiger Nachweis der spezifischen Transkripte mehr möglich ist, im Anschluß an die Transkription abgetrennt und/oder degradiert werden. Die Abtrennung oder Degradierung beinhaltet insbesondere einfach durchzuführende Verfahrensschritte, wie beispielsweise solche, bei denen die Reaktion durch einen chemischen und/oder mechanischen und/oder enzymatischen Verfahrensschritt gestoppt und die Transkripte gegebenenfalls gleichzeitig von störenden Proteinen in der Weise befreit werden, daß im Anschluß an diesen Verfahrensschritt überschüssige markierte Nukleotide, beispielsweise durch Waschschriffe von den spezifischen Transkripten abtrennt werden können.

Diese Ausführungsform des Verfahrens beinhaltet, daß beispielsweise im Anschluß an die Transkriptionsreaktion die Proteine mit Hilfe von Proteasen degradiert werden können. Als Proteasen können beispielsweise Zinkproteasen, Serinproteasen, Thiolproteasen und Carboxyproteasen verwendet werden. Insbesondere können Proteinase K, Trypsin, Chymotrypsin, Carboxypeptidase A, Papain und Pepsin eingesetzt werden. Eine besondere Ausführungsform des Verfahrens ist, daß im Anschluß an die Transkription ein Proteinase K Verdau durchgeführt wird.

Um das Ausmaß der Transkription, d.h. die Transkriptionsrate bestimmen zu können, muß die Menge an spezifischem Transkript bestimmt werden.

Das Verfahren beinhaltet, daß die Transkription in Gegenwart von markierten Nukleotiden, durchgeführt wird oder daß das spezifische Transkript markiert wird. Das Transkript kann beispielsweise nichtradioaktiv markiert werden, wenn für die Transkription entsprechende, nichtradioaktiv markierte Nukleotide eingesetzt werden. Als Markierungsgruppen für Nukleotide können z.B. fluoreszierende Gruppen, wie Dansyl-(=N-Dimethyl-1-aminonaphthyl-5-sulfonyl-), Fluorescein- oder Coumarin-Derivate oder chemilumineszierende Gruppen, wie Acridin-Derivate verwendet werden. Die genannten Markierungsgruppen gestatten einen direkten Nachweis des spezifischen Transkripts. Darüber hinaus können auch Markierungsgruppen verwendet werden, die für einen indirekten Nachweis des Transkripts geeignet sind. Beispiele hierfür sind Digoxigenin, welches mit spezifischen Anti-Digoxigenin Antikörpern, z.B. im ELISA, nachweisbar ist, Biotin, welches über das Biotin/Avidin-System nachweisbar ist und Linker-Arme, die funktionelle Gruppen enthalten, die eine nachträgliche Derivatisierung mit einer nachweisbaren Reporter-Gruppe gestatten. Ein Beispiel für die letztgenannte Möglichkeit ist beispielsweise ein Aminoalkyl-Linker, der im Anschluß an die Transkription mit einem Acridinium-Aktivester zur Chemilumineszenz-Probe umgesetzt und nachgewiesen werden kann.

Eine besondere Ausführungsform des Verfahrens ist, daß die Transkription in Gegenwart von radioaktiv markierten Nukleotiden durchgeführt wird. Die Nukleotide können beispielsweise radioaktiv markiert sein mit Phosphor (^{32}P oder ^{33}P), Schwefel (^{35}S) oder Tritium (^3H).

Eine besondere Ausführungsform des Verfahrens ist, daß die spezifischen Transkripte durch Bindung an eine feste Phase (fester Träger) aus dem Reaktionsgemisch abgetrennt werden, z.B. durch Bindung an eine Mikrotiterplatte oder durch Bindung des spezifischen Transkripts an spezielle Filter, Membranen oder andere Festphasen, insbesondere durch Bindung an eine geladene Membran oder einen geladenen Filter, vorzugsweise aus Nylon oder Nitrocellulose, besonders bevorzugt durch Bindung an eine Membran, die geladene Gruppen, wie z.B. Diethylaminoethylgruppen, enthält, wie z.B. eine DEAE-Cellulose Membran. Diese Ausführungsform beinhaltet, daß die an den festen Träger gebundenen spezifischen Transkripte durch Waschschriffe von überschüssigen markierten Nukleotiden soweit befreit werden können, daß eine eindeutige Detektion der spezifischen Transkripte möglich ist.

Überraschenderweise werden mit diesem Verfahren im Vergleich zu der herkömmlichen Abtrennung und Detektion, bestehend aus Phenolisierung, Fällung und anschließende Auftrennung der Transkripte auf einem denaturierenden Gel, ebenso eindeutig nachweisbare spezifische Signale erhalten (vergl. Beispiel 7 und Fig. 4).

Das Verfahren ist dazu geeignet, spezifische Signale, ausgelöst z.B. durch die spezifische Transkription in Gegenwart z.B. eines Aktivators (aktivierte Transkription) oder eines Inhibitors (inhibierte Transkription) zu erzeugen, die min-

destens um den Faktor 7, vorzugsweise um den Faktor 8, in besonderen Fällen sogar um den Faktor 9 oder 10 von der basalen Signalstärke, ausgelöst durch die basale Transkription z.B. ohne die Gegenwart des Aktivators oder Inhibitors abweichen (vergl. Beispiel 7 und Fig. 4).

Eine wichtige Ausführungsform des Verfahrens ist, daß es zum Screening von pharmakologisch aktiven Wirkstoffen eingesetzt werden kann. Um potentielle pharmakologische Wirkstoffe im Bezug auf ihre Aktivität (z.B. aktivierende bzw. inhibierende Eigenschaft) zu testen, wird die Transkription in Gegenwart des zu testenden Wirkstoffes durchgeführt. Gegebenfalls können einzelne Komponenten, z.B. der angereicherte Kernextrakt mit dem zu testenden Wirkstoff vorinkubiert werden. Darüber hinaus kann die Spezifität des zu testenden Wirkstoffes charakterisiert werden, indem die Transkription in Gegenwart des zu testenden Wirkstoffes in mehreren Transkriptionsansätzen parallel durchgeführt wird, wobei jeder Ansatz unterschiedliche Komponenten enthält und dann vergleichend die Transkriptionsrate bestimmt wird.

Zu testende Wirkstoffe können beispielsweise Naturstoffe und/oder Substanzen aus chemischen und kombinatorischen Substanzbibliotheken sein. Naturstoffe können beispielsweise aus Pflanzen, Tieren, Sekreten von Pflanzen oder Tieren und insbesondere aus Mikroorganismen, wie z.B. aus Pilzen, Hefen, Bakterien oder Algen isoliert werden.

Eine weitere besondere Ausführungsform des Verfahrens ist, daß die Transkription in Anwesenheit eines zu testenden Wirkstoffs, Transkriptionsfaktors, Kofaktors oder zelltypspezifischen Kernextrakts und ein paralleler Ansatz in Abwesenheit des zu testenden Wirkstoffs, Transkriptionsfaktors, Kofaktors oder zelltypspezifischen Kernextrakts, ansonsten aber unter gleichen Bedingungen, durchgeführt wird und aus der Differenz der Mengen an markiertem Transkript die Aktivität (z.B. inhibierend, aktivierend) bzw. der Effekt des zu testenden Wirkstoffs Transkriptionsfaktors, Kofaktors oder zelltypspezifischen Kernextrakts im Bezug auf ein zu untersuchendes genregulatorisches Element (bzw. Gen) und/oder einen Transkriptions- und/oder Kofaktoren ermittelt wird.

Das Verfahren beinhaltet, daß der Effekt eines zu untersuchenden, an der Genregulation beteiligten Proteins mit Hilfe von parallel unter gleichen Bedingungen durchgeführten Transkriptionen ermittelt wird, wobei das zu untersuchende Proteine nur in einem der beiden Reaktionsansätze enthalten ist.

Eine Ausführungsform des Verfahrens beinhaltet, daß

- a) mindestens zwei Transkriptionen parallel unter gleichen Bedingungen durchgeführt werden, wobei
- b) sich die Transkriptionsansätze nur dadurch unterscheiden, daß sie unterschiedliche Mengen des zu testenden Wirkstoffs und/oder mindestens eines Transkriptionsfaktors und/oder mindestens eines Kofaktors und/oder eines angereicherten Kernextrakts enthalten,
- c) im Anschluß an die Transkription für jeden Ansatz die erhaltene Menge an markiertem Transkript bestimmt wird und
- d) aus der Differenz der erhaltenen Mengen an markiertem Transkript die Wirksamkeit und/oder Spezifität des zu testenden Wirkstoffs, Transkriptionsfaktors, Kofaktors und/oder angereicherten Kernextrakts im Bezug auf das genregulatorische Element ermittelt wird.

Mit diesem Verfahren kann die Wirkung jeder einzelnen Komponente (z.B. auf den Kernextrakt (d.h. auf einen bestimmten Zelltyp) oder einen bestimmten Transkriptionsfaktor), die im Transkriptionsansatz enthalten ist, gezielt getestet werden. Beispielsweise kann die Wirkung eines zu untersuchenden Wirkstoffs auf ein definiertes genregulatorisches Element analysiert werden. Entscheidend dabei ist, daß die Reaktionsbedingungen der Transkription exakt definiert werden können.

Das Verfahren bietet die Möglichkeit, die Wirkung einzelner Faktoren auf eine pathologische Genexpressionen gezielt zu beeinflussen, da entsprechende Reaktionsbedingungen durch die Auswahl des genregulatorischen Elements sowie der Transkriptions- und/oder Kofaktoren und/oder zelltypspezifischen Kernextrakte genau eingestellt bzw. vorgegeben werden können.

Ein besonderer Vorteil des Verfahrens ist, daß auf diese Weise pharmakologische Wirkstoffe identifiziert werden können, die die Transkription unter definierten Bedingungen positiv oder negativ beeinflussen können, insbesondere solche, die die Transkription definierter (Target-)Gene aktivieren oder inhibieren, wobei diese Wirkstoffe spezifische Wirkung auf definierte genregulatorische Elemente und/oder definierte Transkriptionsfaktoren, Kofaktoren und/oder zelltypspezifische Kernextrakte (bzw. Zellen) haben.

Die Erfindung betrifft die Verwendung des Verfahrens zur Identifizierung von spezifischen pharmakologisch aktiven Wirkstoffen. Beispielsweise kann das Verfahren verwendet werden, um einen zu testenden Wirkstoff unter definierten Bedingungen zu charakterisieren. Beispielsweise kann das Verfahren verwendet werden, um einen auf diese Weise identifizierten Wirkstoff in Bezug auf seine Spezifität unter definierten Bedingungen weiter zu charakterisieren. Beispielsweise sollte ein mit Hilfe des Verfahrens identifizierter pharmakologisch aktiver Wirkstoff unter definierten Bedingungen die Transkription der unter der Kontrolle des genregulatorischen Elements vorliegenden zu transkribierenden DNA-Sequenz inhibieren oder aktivieren.

Eine weitere besonders vorteilhafte Eigenschaft des Verfahrens ist, daß alle Schritte auf einfache Weise automati-

siert werden können. Beispielsweise kann dafür der Pipettierroboter Biomek 2000® (Firma Beckman, München), angeschlossen an ein Versorgungsrobotermodul, eingesetzt werden. Die an eine feste Phase gebundenen Transkripte können dann manuell oder automatisch, z.B. mit Hilfe eines Fließbands gewaschen werden.

Die vorliegende Erfindung beinhaltet, daß ein Pipettierroboter, z.B. der Biomek 2000® mit den einzelnen Komponenten der Reaktion, wie Proteinfraction (z.B. Kernextrakt und andere Proteine), DNA-Template, Transkriptionspuffer, in der Transkription zu untersuchende Substanzen, Pipettenspitzen, Mikrotiterplatten und Membranen bestückt wird. Aus diesen Komponenten werden die einzelnen Reaktionsansätze beispielsweise in den Vertiefungen von Mikrotiterplatten zusammengestellt, wobei alle Pipettierschritte automatisch erfolgen. Auf diese Weise können bei geringen Probenvolumina, insbesondere Volumina kleiner 100 µl, vorzugsweise von 10 bis 50 µl, insbesondere 20 µl, 96 oder mehr verschiedene Transkriptionsansätze pro Platte gleichzeitig bearbeitet werden. Jede Transkription dauert etwa 1 bis 1,5 Stunden, so daß bei optimaler Ausnutzung der Inkubationszeiten auf diese Weise bis zu 1000 oder mehr Transkriptionen pro Tag durchgeführt werden können.

Die Transkription kann beispielsweise bei Temperaturen von 20-50°C durchgeführt werden. Besonders bevorzugt ist die Durchführung der Transkription bei etwa 30°C.

Da insbesondere die zu testenden Wirkstoffe, Transkriptionsfaktoren, Kofaktoren und gegebenenfalls auch die angereicherten Kernextrakte nur in geringen Mengen verfügbar sind, diese Substanzen aber unter verschiedensten Reaktionsbedingungen in einer Vielzahl von Transkriptionen getestet werden sollen, ist eine Anforderung an das Verfahren, daß für die Transkriptionsreaktion möglichst geringe Probenvolumina benötigt werden. Deshalb ist insbesondere von Bedeutung, daß dieses Verfahren auch für eine Durchführung im Nanolitermaßstab, d.h. Reaktionsvolumen von ca. 50-500 nl, geeignet ist.

Das Transkriptionsverfahren ist universell einsetzbar. Es kann zur Identifizierung und Charakterisierung von genregulatorischen Elementen (d.h. ein spezifisches Gen als Target), von Transkriptions- und/oder Kofaktoren und/oder anderen Proteinen, die direkt oder indirekt an der Regulation der Gentranskription beteiligt sind (d.h. ein spezifisches Protein als Target) und/oder von angereicherten Kernextrakten (d.h. ein spezifisches Kernextrakt bzw. ein spezifischer Zelltyp als Target) verwendet werden. Insbesondere kann das Transkriptionsverfahren zur Identifizierung neuer pathologisch interessanter genregulatorischer Elemente und der Zuordnung von genregulatorischen Proteinen, die die Wirkung dieser Elemente vermitteln, zu den entsprechenden genregulatorischen Elementen, benutzt werden.

Im Vergleich zu zellulären Assays weist das beschriebene Transkriptionsverfahren eine höhere Targetspezifität auf. Im Gegensatz zu zellulären Assays hat die zelluläre Aufnahme einzelner Komponenten keinen Effekt auf die Effizienz der Transkription. Darüber hinaus läßt sich das beschriebene Verfahren einfach und schnell durchführen (z.B. können die einzelnen Komponenten vorbereitet und gefroren aufbewahrt werden). Das Verfahren ist einfach zu standardisieren und universell einsetzbar, da es sich auf nahezu jeden Zelltyp und jedes Gen anwenden läßt.

Mit Hilfe des Verfahrens können pharmakologische Wirkstoffe identifiziert werden, die zur Herstellung von Arzneimitteln verwendet werden können. Mit diesem Transkriptionsverfahren identifizierte Wirkstoffe sollten im Vergleich zu bekannten Wirkstoffen bedeutend weniger Nebenwirkungen hervorrufen. Beispielsweise können Wirkstoffe, die zur Herstellung von Arzneimitteln, zur Behandlung von (Auto-) Immunerkrankungen, Stoffwechselerkrankungen, Krebs, Herz-Kreislauferkrankungen, Infektionskrankheiten, Rheumatismus, Diabetes, degenerativen und psychischen Erkrankungen, insbesondere zur Herstellung von Arzneimitteln zur Behandlung von rheumatoider Arthritis, multipler Sklerose, Diabetes Mellitus, Allergien, Asthma, Anaphylaxe, atopischer Dermatitis, der Alzheimerschen Krankheit, der Parkinson Krankheit, AIDS, der Creutzfeldt-Jakobschen Krankheit, Epilepsie, Schizophrenie, Arteriosklerose und Tuberkulose eingesetzt werden können, getestet bzw. identifiziert werden.

Darüberhinaus bietet dieses universelle Verfahren eine Vielzahl weiterer Anwendungsmöglichkeiten. Das Verfahren kann z.B. auch in der Tierpathologie und Tierzucht, im Pflanzenschutz oder der Pflanzenzucht zur Auffindung von spezifischen, pharmakologischen Wirkstoffen analog eingesetzt werden, wenn die entsprechenden basalen Transkriptionssysteme aus den jeweiligen Organismen und die spezifischen genregulatorischen Elemente, Transkriptions- und/oder Kofaktoren und/oder andere direkt oder indirekt an der Transkriptionsreaktion beteiligten Proteine eingesetzt werden.

Prinzipiell läßt sich dieses in vitro Transkriptionsverfahren analog auch zur Identifizierung von Substanzen benutzen, die bei der Konservierung von Materialien und Lebensmitteln Verwendung finden können, wenn entsprechend die genregulatorischen Elemente, transkriptionsfähigen Systeme, Transkriptions- und/oder Kofaktoren von Mikroorganismen, beispielsweise von Hefen, Pilzen, Bakterien oder von Insekten verwendet werden.

Die Abbildungen sind wie folgt beschrieben:

Fig. 1: Radioaktiver "Read out" von Transkriptionsreaktionen, wobei verschiedene genregulatorische Elemente und Reporterplasmide, die G-freie Sequenzen unterschiedlicher Länge aufweisen, eingesetzt wurden.

Es ist der Vergleich zweier Standardpromotoren mit dem universellen Reporterplasmid pGS100 (Fig. 2) gezeigt. Die Transkriptionsreaktion wurde, wie in Beispiel 6 beschrieben, durchgeführt.

A) Basale Transkription: Menge an radioaktivem Transkript [in relativen Einheiten], die ohne Aktivierung des Promotors erhalten wird (basale Signalstärke);

B) Aktivierte Transkription: Menge an radioaktivem Transkript [in relativen Einheiten], die mit Aktivierung des Promotors mit Gal4-Polyglutamin erhalten wird.

I) Als Reporterplasmid wurde pMRG5 (Kretschmar, M., Kaiser, K., Lottspeich, F., Meisterernst, M. (1994) Cell 78, 525-534) verwendet. Der synthetische Promotor in pMRG5 enthält die TATA-Box des HIV Promotors, den Initiator des ML Promotors und eine etwa 400 Nukleotide lange G-freie Sequenz in pUC19.

II) Als Reporterplasmid wurde pVBML verwendet. Das Reporterplasmid pVBML ist wie das Reporterplasmid pGS100 aufgebaut, enthält jedoch anstelle der 800 Nukleotide langen nur eine 400 Nukleotide lange G-freie Sequenz.

III) Als Reporterplasmid wurde der pGS100 verwendet, der eine G-freie Sequenz von etwa 800 Nukleotiden aufweist.

Verglichen wurden jeweils die basale (A) mit der aktivierten Transkription (B). Als Aktivator wurde ein Fusionsprotein, bestehend aus einer Gal4-Bindungsdomäne (94 aminoterminalen Aminosäuren) und einer Polyglutamin-Aktivierungsdomäne (synthetisches Peptid aus 11 Glutaminsäuren), eingesetzt. Es sind die Absolutwerte (in relativen Einheiten, wie sie mit Hilfe eines Phosphorimagers erhalten werden), nach Abzug des Hintergrunds, aufgetragen. Bei den Transkriptionsreaktionen, bei denen pGS100 als Reporterplasmid verwendet wurde, wurden sowohl höhere Absolutwerte, als auch, bedingt durch den unterschiedlichen Aufbau der synthetischen Promotoren, eine im Vergleich zu pMRG5 bessere Aktivierbarkeit gemessen. Darüber hinaus wird der positive Einfluß einer G-freien Sequenz, die eine Länge von mehr als 400 Nukleotiden aufweist, deutlich.

Fig. 2: Universelles Reporterplasmid pGS100.

Das universelle Reporterplasmid pGS100 enthält einen synthetischen Promotorbereich als Modellpromotor vor einer etwa 800 Basenpaare langen G-freien Region in pUC19. Innerhalb der Restriktionsschnittstellen BamHI und SacII befindet sich der Initiatorbereich des adenoviralen "major late" (ML) Promotors. Zwischen den Restriktionsschnittstellen für SacII und BamHI befindet sich der Bereich mit TATA-Box des humanen T-Zellrezeptor V β 8.1 Promotors. Diese beiden basalen Promotorelemente (Initiator und TATA Box) ermöglichen die basale Transkription in vitro. Da diese in potentiellen Targetgenen für das Screening von spezifischer Bedeutung sein können, ist es möglich, diese einzeln gegen die entsprechenden Bereiche der zu untersuchenden Gene (entsprechende genregulatorische Elemente) auszutauschen. In den Polylinker stromabwärts des basalen Promotors können beliebige regulatorische Bereiche von Zielgenen eingefügt werden (spezifische Aktivierung). Alternativ kann der gesamte Promotorbereich ausgetauscht werden. Stromaufwärts des Polylinkers (Sac II bis PstI) enthält pGS100 fünf Bindungsstellen für das Hefe Gal4 Protein. Dieses ermöglicht auch die Analyse von synthetischen Transkriptionsaktivatoren, beispielsweise von Fusionsproteinen, die aus einer beliebigen Aktivierungsdomäne (z.B. des Herpes Simplex Transaktivators VP16) und einer Gal4 DNA Bindungsdomäne bestehen. Ein essentieller Baustein von pGS100 ist die G-freie Sequenz.

Fig. 3:

Vergleich der Effizienz eines herkömmlichen Standard-Transkriptionsverfahrens mit dem beschriebenen zellfreien in vitro Transkriptionsverfahren.

Fig. 3 zeigt einen Vergleich der Signalstärken (als Maß für die Menge an Transkript und damit für die Stärke der Transkription), die unter unterschiedlichen Reaktionsbedingungen erhalten werden. Die Transkriptionsreaktionen werden wie in Beispiel 7 beschrieben durchgeführt.

A) Herkömmliches Standard-Transkriptionsverfahren, bei dem die spezifischen Transkripte durch Phenolisierung, Ethanol-fällung und anschließende denaturierende Gelelektrophorese von Proteinen und überschüssigen Nukleotiden befreit werden;

B) beschriebenes in vitro Transkriptionsverfahren, bei dem die Proteine durch Proteinase K verdaut und die überschüssigen Nukleotide durch Waschen der an DEAE-Filter gebundenen spezifischen Transkripte entfernt werden;

I) für die Transkription wird ein transkriptionsfähiges, über eine P11[®]-Säule gereinigtes Extrakt aus HeLa-Zellkernen, ohne entsprechendes DNA-Template eingesetzt (Kontrollexperiment);

II) Basale Transkription: zu einem dem Ansatz aus I entsprechenden Ansatz wird als DNA-Template das Reporterplasmid pMRG5 gegeben und die Transkriptionsreaktion durchgeführt; auf diese Weise wird die basale Signalstärke bestimmt;

III) Aktivierte Transkription: zu einem dem Ansatz II entsprechenden Ansatz wird zusätzlich der Transkriptionsaktivator, ein Fusionsprotein, bestehend aus der DNA-Bindungsdomäne von Gal4 und der Aktivierungsdomäne von VP16 (Gal4-VP16), gegeben und die Transkription durchgeführt; auf diese Weise wird die aktivierte Signalstärke erhalten;

IV) zu einem dem Transkriptionsansatz aus III entsprechenden Ansatz, wurde α -Amanitin als RNA-Polymerase II Hemmer zugegeben (Kontrollexperiment).

Ein Vergleich der Signalstärken, die unter den unterschiedlichen Reaktionsbedingungen mit den zwei verschiedenen Verfahren erhalten wurden zeigt, daß sowohl die basale (II) als auch die aktivierte (III) Transkription mit dem hier beschriebenen in vitro Transkriptionsverfahren meßbar sind, wobei die Signalstärken mit denen, die mit einem herkömmlichen Transkriptionsverfahren erhalten werden, vergleichbar sind.

Daß auch die basale Signalstärke meßbar ist, ist von entscheidender Bedeutung, damit das beschriebene Transkriptionsverfahren auch zum Screening von Transkriptionsinhibitoren eingesetzt werden kann. Mit Hilfe des spezifischen RNA Polymerase II Inhibitors α -Amanitin wird eine etwa 8-fache Abnahme des Signals (Vergleich III und IV) erzielt.

Beispiele:

Beispiel 1: Herstellung von HeLa-Kernextrakten

Die Kernextrakte werden ausgehend von HeLa-Zellkernen hergestellt. HeLa-Zellkerne sind bei verschiedenen Firmen (z.B. "4°C", Mons; Sigma, München; Santa Cruz Biotechnology, Heidelberg) käuflich zu erwerben. Die im folgenden beschriebene Aufarbeitung der Zellkerne erfolgt bei 4 °C (Kühlraum). Die Puffer werden mit Tris pH 6.8 bei Raumtemperatur (RT) eingestellt, dies entspricht pH 7.3 bei 4 °C. Den Puffern wird vor Gebrauch DTT (Stammlösung 1 M in Wasser) zur Endkonzentration von 5 mM und PMSF (Stammlösung 200 mM in DMSO) zur Endkonzentration von 1 mM zugesetzt.

Die Aufarbeitung der Zellkerne umfaßt folgende Schritte:

1. Zellkerne auf Eis auftauen und Volumen NPV (nuclear pellet volume) bestimmen.

2. Jeweils 1/2 NPV-Volumen an 0,02 M KCl Puffer (Puffer mit niedrigem Salzgehalt: 20ml 1 M Tris pH 6.8 RT, 250ml 100% Glycerin, 6,67ml 3 M KCl, 1,5ml 1 M MgCl₂, 0,4 ml 0,5 M EDTA, H₂O ad 1000 ml) und 1,2 M KCl Puffer (Puffer mit hohem Salzgehalt: 20ml 1 M Tris pH 6.8 RT, 250 ml 100% Glycerin, 400ml 3 M KCl, 1,5ml 1 M MgCl₂, 0,4 ml 0,5 M EDTA, H₂O ad 1000 ml) werden in 2 separate Bechergläser geben.

Zu jedem Puffer werden 0,0007 x NPV/2 β -Mercaptoethanol und 0,001 x NPV/2 0,2 M PMSF gegeben.

Das Pellet wird in 1/2 Volumen 0,02 M KCl Puffer resuspendiert und sanft mit einem Pistill homogenisiert (6 x).

3. Homogenat in Becherglas vorlegen und tropfenweise über 30 min mit 1,2 M KCl Puffer unter ständigem Rühren versetzen. Die Extraktion ist nach weiteren 30 min Rühren beendet. Abzentrifugieren (Beckman-Zentrifuge, SS34-Rotor bei 14000 rpm, 30 min, 4 °C). Pellet und Überstand getrennt weiter verarbeiten.

4. Überstand in Puffer 1 (40 ml 1 M Tris pH 6.8 RT, 400 ml Glycerin, 0,8 ml 0,5 M EDTA, H₂O ad 2000 ml) dialysieren, bis die Leitfähigkeit von Puffer 2 (40 ml 1 M Tris pH 6.8 RT, 400 ml Glycerin, 0,8 ml 0,5 M EDTA, 66,7 ml 3 M KCl, H₂O ad 2000 ml) erreicht ist (45 - 55 min).

5. Dialysierten Überstand abzentrifugieren (Beckman, SS34-Rotor, 18000 rpm, 20 min, 4 °C). Der HeLa-Kernextrakt befindet sich im Überstand (HeLa Nuclear Extrakt = HeLa NE). Aliquots des Extraktes werden in flüssigem N₂ eingefroren. Pellet aus der Kernextraktion in Homogenisator transferrieren, mit 10 ml TGME/5 mM DTT (TGME für 1l: 250 ml 100% Glycerin, 50 ml Tris pH 7.3 RT, 5ml 1 M MgCl₂, 0,2 ml 500 mM EDTA pH 8,0) versetzen, 20 x mit einem Pistill homogenisieren (kräftig) und in flüssigem N₂ einfrieren (HeLa Nuclear Pellet).

Beispiel 2: Vorbereitung der Phosphocellulosesäule für die Aufreinigung des Kernextrakts.

1. P11[®] Säulenmaterial mehrmals in Wasser waschen. Volumen des gequollenen Materials bestimmen.

2. 5 Volumen 0,5 N NaOH zugeben, 5 min stehen lassen, dann sofort über Faltenfilter absaugen.

3. Waschen mit Wasser bis pH 11.

4. 25 Volumen 0,5 N HCl zugeben. 5 min stehen lassen, dann sofort absaugen.

5. Waschen mit Wasser bis pH 3.

6. Waschen mit 1 M Tris pH 7 bis pH konstant bei 7. Säulenmaterial bei 4 °C aufbewahren. Am besten über Nacht äquilibrieren.

EP 0 864 656 A2

Beispiel 3: Chromatographische Reinigung des Kernextraktes durch eine Phosphocellulose Chromatographie:

Die Kapazität des P11® Materials beträgt 10 mg Protein/1 ml Material. Die Chromatographie wird wie folgt durchgeführt:

1. P11® Material in Säule überführen und in Puffer 2 (mit frisch zugegebenem DTT und PMSF, siehe Beispiel 1) äquilibrieren. Säule an Pumpe anschließen.
2. Kernextrakt (in Puffer 2) beladen (mit 1 Säulenvolumen (column volume) (CV)/h).
3. Säule waschen mit 5 CV Puffer 2 (5 - 10 CV/h).
4. Eluieren mit Puffer 3 (40 ml 1 M Tris pH 6.8 RT, 400 ml Glycerin, 0,8 ml 0,5 M EDTA, 200 ml 3 M KCl, H₂O ad 2000 ml; 2 CV/h). Nachdem kein Protein mehr eluiert, weitere 2 CV Puffer 3 durchlaufen lassen.
5. Eluieren mit Puffer 4 (40 ml 1 M Tris pH 6.8 RT, 400 ml Glycerin, 0,8 ml 0,5 M EDTA, 333 ml 3 M KCl, H₂O ad 2000 ml; 2 CV/h) und Peakfraktionen sammeln.
6. Eluieren mit Puffer 5 (40 ml 1 M Tris pH 6.8 RT, 400 ml Glycerin, 0,8 ml 0,5 M EDTA, 567 ml 3 M KCl, H₂O ad 2000 ml; 2 CV/h) und Peakfraktionen sammeln.
7. Die beiden Eluate jeweils gegen Puffer 2 dialysieren, bis Leitfähigkeit konstant ist und dann Aliquots in flüssigem N₂ einfrieren.

Beispiel 4: Standard-Transkriptionsverfahren unter Verwendung eines Polyacrylamidgels zur Auftrennung der Transkripte.

Ein Transkriptionsansatz (20 µl Endvolumen) kann aus folgenden Komponenten bestehen:

- a) generelle Transkriptionsfaktoren in Form von vorgereinigten Kernextrakten oder rekombinant hergestellt) eventuell ergänzt durch weitere spezifische Transkriptionsfaktoren, Aktivatoren, Inhibitoren oder Fusionsproteine;
- b) DNA-Template (z.B. pGS100 Vektor mit zu untersuchendem genregulatorischem Element);
- c) Transkriptionspuffer, der beispielsweise den zu untersuchenden Wirkstoff enthält;
- d) markierte und unmarkierte Nukleotide;

zu a) Puffer 4-Eluat und Puffer 5-Eluat (aus Beispiel 3) enthält das transkriptionsfähige Kernextrakt (alle generellen Transkriptionsfaktoren). Die optimalen Mengen an Puffer 4-Eluat und Puffer 5-Eluat müssen für jede Präparation neu bestimmt werden (ca. 3 µl Puffer 4-Eluat und 2 µl Puffer 5-Eluat pro Ansatz);

zu b) gewöhnlich werden 100 ng DNA-Template (genregulatorisches Element im Reporterplasmid z.B. in pGS100) pro Ansatz eingesetzt;

zu c) Transkriptionspuffer (5 mM MgCl₂, 25 mM HEPES KOH pH 8.2, 0,5 µl BSA acetyliert (Stock 20 mg/ml), ca. 10 % Glycerin, ca. 70 mM KCl, 0,2 mM PMSF, 10 mM DTT) mit je 20 U RNase Inhibitor pro Ansatz;

zu d) NTPs (ATP, UTP je 100 µM Endkonzentration, CTP 5 µM Endkonz., o-m-GTP 20 µM Endkonzentration, α-³²P-CTP ca. 0,12 µM Endkonzentration 3000 Ci/mmol, 10 mCi/ml).

1. Der Transkriptionspuffer und dNTPs werden vorliegt und das DNA-Template zugegeben.

2. Transkriptionsaktivator und Puffer 4- und 5-Eluat werden zugeben.

3. Zur Durchführung der Transkriptionsreaktion 1 h bei 30 °C inkubieren.

4. Zugabe von 400 µl Stopmix (7M Harnstoff, 10 mM Tris HCl pH 7,8, 10 mM EDTA/NaOH pH 8, 0,5 % SDS, 100 mM LiCl, 100 µg/ml tRNA, 300 mM NaAcetat) und 400 µl Phenol/Chloroform/Isoamylalkohol (25/24/1). Mischen und zentrifugieren (SS34-Rotor, Beckman Zentrifuge, 5 min, 14000 rpm, RT).

Überstand abnehmen und 400 µl Isopropanol zugeben und mischen, dann 1 h bei -20 °C inkubieren.

5. Zentrifugieren (SS34 Rotor, Beckman Zentrifuge, 14000 rpm, 30 min, 4 °C), Pellet in 70 % Ethanol waschen und dann in der Speedvac trocknen.

6. Pellet in 10 µl Auftragspuffer (955 µl 100 % Formamid (deionisiert), 10 µl 0,5 M EDTA, 20 µl 1M Tris pH 7, je 0,003 % Bromphenolblau/Xylencyanol, H₂O ad 1 ml) aufnehmen und 15 min bei 50 °C inkubieren.

7. Auftrennung der Transkripte im 5 %igen denaturierenden Harnstoff-Polyacrylamidgel mit 1 x TBE als Laufpuffer. Vorlauf 20 min bei 60 mA. Gel laden. Gellauf ca. 1 h bei 60 mA.

8. Gel in 10 % Essigsäure fixieren, trocknen und einem Röntgentfilm in einem Phosphorimager® exponieren.

EP 0 864 656 A2

Beispiel 5: Protokoll des beschriebenen automatisierbaren in vitro Transkriptionsverfahrens unter Verwendung eines Filters zur Bindung der Transkripte

1. Der Transkriptionspuffer und dNTPs werden vorlegt und das DNA-Template zugegeben.
2. Puffer 4- und 5-Eluat und eventuell Transkriptionsaktivator oder Transkriptionsinhibitor werden zugeben.
3. Zur Durchführung der Transkriptionsreaktion wird 1 h bei 30 °C inkubiert.
4. Zugabe von 5 µl Proteinase K Mix (1 µl Proteinase K-Lösung [20 mg/ml], 1 µl 10 % SDS 0,5 µl 0,5 M EDTA pH 8, 1 µl 50 mM Tris pH 7,8 H₂O ad 5 µl).
5. Inkubation 15 min 30 °C.
6. DEAE Membran NA 45[®] (Schleicher und Schuell) kurz in Membranwaschpuffer (100 mM Natriumphosphatpuffer pH 7,5, 250 mM NaCl, 2 % Natriumpyrophosphat) waschen.
7. Von dem Ansatz 5 µl auf die Membran pipettieren und 5 min trocknen lassen.
8. Membran 4 x 15 min in ca. 100 ml Membranwaschpuffer (+ 1 % Triton) leicht schütteln.
9. Membran auf Whatmann 3 MM[®] Papier (Firma Whatman, Maidstone, England) überführen, an der Luft trocknen lassen, Folie überziehen und die Filter unter Verwendung eines Phosphoimagers[®] einem Röntgenfilm exponieren.

Beispiel 6: Die Transkriptionsreaktion wird nach dem beschriebenen in vitro Transkriptionsverfahren unter Verwendung eines Filters parallel mit drei verschiedenen Reporterplasmiden durchgeführt.

- Die Durchführung erfolgt wie in den Beispielen 1 bis 3 und 5 beschrieben. Als Reporterplasmide werden der pMRG5 (TATA-Box des HIV Promotors, Initiatorregion des ML Promotors und eine etwa 400 Nukleotide lange G-freie Kassette in pUC19 (Kretschmar, M., Kaiser, K., Lottspeich, F., Meisterernst, M. (1994) Cell. 78, 525-534), der pGS100 (Fig. 2) und der pVβML (wie pGS100 aufgebaut, enthält jedoch anstelle der 800 bp langen nur eine 400 bp lange G-freie Kassette) verwendet. Für die Transkriptionsreaktionen werden jeweils 100 ng DNA-Template und 3 µl der P11[®]-Fraktionen (Puffer 4 und Puffer 5 Eluat) eingesetzt. Die Reaktionen werden jeweils parallel ohne und mit Aktivator (Fusionsprotein bestehend aus Gal4 Bindungsdomäne und einer Polyglutamin Aktivierungsdomäne) durchgeführt. Die Ergebnisse sind in Fig. 1 dargestellt und erläutert.

- Beispiel 7: Vergleich der Signalstärke (als Maß für die Menge an Transkript und damit für die Stärke der Transkription) der radioaktiv markierten Transkripte erhalten mit einem Standard-Transkriptionsverfahren mit denen, die mit dem beschriebenen in vitro Transkriptionsverfahren erhalten werden.

- Die Transkriptionsreaktionen werden wie in den Beispielen 1 bis 5 beschrieben durchgeführt und parallele Reaktionsansätze im Filter- (Beispiel 5) beziehungsweise Gelassay (Beispiel 4) analysiert. Für die Reaktionen werden jeweils 200 ng pMRG5 als DNA-Template eingesetzt. Einige Transkriptionsreaktionen werden in Gegenwart von 30 ng Gal4-VP16, das als Aktivator eingesetzt wird, durchgeführt. Die Ergebnisse sind in Fig. 3 dargestellt und beschrieben.

EP 0 864 656 A2

Tabelle 1: SEQ ID NO. 1

5	TTTCCTGTGT GAAATTGTTA TCCGCTCACA ATTCCACACA ACATACGAGC CGGAAGCATA	60
	AAGTGTAAG CCTGGGGTGC CTAATGAGTG AGCTAACTCA CATTAATTGC GTTGGCGTCA	120
10	CTGCCCCGCTT TCCAGTCGGG AAACCTGTGC TGCCAGCTGC ATTAATGAAT CGGCCAACGC	180
	GCGGGGAGAG GCGGTTTGCG TATTGGGCGC TCTTCCGCTT CCTCGCTCAC TGA CTGCTG	240
15	CGCTCGGTGC TTCGGCTGCG GCGAGCGGTA TCAGCTCACT CAAAGGCGGT AATACGGTTA	300
	TCCACAGAAT CAGGGGATAA CGCAGGAAAG AACATGTGAG CAAAAGGCCA GCAAAGGCC	360
20	AGGAACCGTA AAAAGGCCGC GTTGCTGGCG TTTTCCATA GGCTCCGCCC CCCTGACGAG	420
	CATCACAAA ATCGACGCTC AAGTCAGAGG TGGCGAAACC CGACAGGACT ATAAAGATAC	480
25	CAGGCGTTTC CCCCTGGAAG CTCCCTCGTG CGCTCTCCTG TTCCGACCCT GCCGCTTACC	540
	GGATACCTGT CCGCCTTTCT CCCTTCGGGA AGCGTGCGC TTCTCAATG CTCACGCTGT	600
30	AGGTATCTCA GTTCGGTGTA GGTCGTTGCG TCCAAGCTGG GCTGTGTGCA CGAACCCCC	660
	GTTACGCCCC ACCGCTGCGC CTTATCCGGT AACTATCGTC TTGAGTCAA CCCGGTAAGA	720
35	CACGACTTAT CGCCACTGGC AGCAGCCACT GGTAACAGCA TTAGCAGAGC GAGGTATGTA	780
	GGCGGTGCTA CAGAGTTCTT GAAGTGGTGG CCTAACTACG GCTACACTAG AAGGACAGTA	840
40	TTTGGTATCT GCGCTCTGCT GAAGCCAGTT ACCTTCGGAA AAAGAGTTGG TAGCTCTGA	900
	TCCGGCAAAC AAACCACGCG TGGTAGCGGT GGTTTTTTTG TTGCAAGCA GCAGATTACG	960
45	CGCAGAAAAA AAGGATCTCA AGAAGATCCT TTGATCTTTT CTACGGGGTC TGACGCTCAG	1020
	TGGAACGAAA ACTCACGTTA AGGGATTTTG GTCATGAGAT TATCAAAAAG GATCTTCACC	1080
50	TAGATCCTTT TAAATTAAAA ATGAAGTTTT AAATCAATCT AAAGTATATA TGAGTAACT	1140
	TGGTCTGACA GTTACCAATG CTTAATCAGT GAGGCACCTA TCTCAGCGAT CTGTCTATTT	1200
55	CGTTCATCCA TAGTTGCCTG ACTCCCCGTC GTGTAGATAA CTACGATACG GGAGGGCTTA	1260

EP 0 864 656 A2

	CCATCTGGCC CCAGTGCTGC AATGATACCG CGAGACCCAC GCTCACC GGC TCCAGATTTA	1320
5	TCAGCAATAA ACCAGCCAGC CGGAAGGGCC GAGCGCAGAA GTGGTCCTGC AACTTTATCC	1380
	GCCTCCATCC AGTCTATTAA TTGTTGCCGG GAAGCTAGAG TAAGTAGTTC GCCAGTTAAT	1440
10	AGTTTGCGCA ACGTTGTTGC CATTGCTACA GGCATCGTGG TGTCACGCTC GTCGTTTGGT	1500
	ATGGCTTCAT TCAGCTCCGG TTCCCAACGA TCAAGGCGAG TTACATGATC CCCCATGTTG	1560
15	TGCAAAAAAG CCGTTAGCTC CTTCCGTCCT CCGATCGTTG TCAGAAGTAA GTTGCCGCA	1620
	GTGTTATCAC TCATGTTTAT GGCAGCACTG CATAATTCTC TTACTGTCAT GCCATCCGTA	1680
20	AGATGCTTTT CTGTGACTGG TGAGTACTCA ACCAAGTCAT TCTGAGAATA GTGTATGCGG	1740
	CGACCGAGTT GCTCTTGCCC GCGCTCAATA CGGGATAATA CCGCGCCACA TAGCAGAACT	1800
25	TTAAAGTGC TCATCATTGG AAAACGTTCT TCGGGCGAA AACTCTCAAG GATCTTACCG	1860
	CTGTTGAGAT CCAGTTCGAT GTAACCCACT CGTGCACCCA ACTGATCTTC AGCATCTTTT	1920
30	ACTTTCACCA GCGTTTCTGG GTGAGCAAAA ACAGGAAGGC AAAATGCCGC AAAAAAGGGA	1980
	ATAAGGGCGA CACGGAAATG TTGAATACTC ATACTCTTCC TTTTCAATA TTATTGAAGC	2040
35	ATTTATCAGG GTTATTGTCT CATGAGCGGA TACATATTG AATGTATTTA GAAAAATAAA	2100
	CAAATAGGGG TTCCGCGCAC ATTTCCCCGA AAAGTGCCAC CTGGGGGACT AGAGTCTCCG	2160
40	CTCGGAGGAC AGTACTCCGC TCGGAGGACA GTACTCCGCT CGGAGGACAG TACTCCGCTC	2220
	GGAGGACAGT ACTCCGCTCG GAGGACAGTA CTCCGACCTG CAGGAATTCTG AGCTCGGTAC	2280
45	CCGCGGGGAT AAAATGTCAC AAAATTCTT TGGATCCTCA CTCTCTTCAT TTAAATATCC	2340
	CATACCCTTC CTCCATCTAT ACCACCCTAC TCTCCTTCC TCATTATTCC TCCTATTATC	2400
50	TTCTCCTCTT CTCTCCTTCT TCTATATTTC CCAAATCTAT CATCATTCAC TCTCATCCCC	2460
	TCTTCCTTCA CTCCATTCT ATTCTACTCC TTTCCCTTC CATATCCCCT CCACCCCT	2520
55	TCCTCCCCTC TTTCAATCTT ATCCCCAATC ATAAAATTAT CTCATTATA TTCTCCTTCC	2580

EP 0 864 656 A2

	ATACCCCCTA TCATCCTCAT CCCTATCACC CCCTACTCAC CCAATACTCC CTACTCATCT	2640
5	CATATATCCT TATCCTCTCC TCACCTCTCC CTCCTCTATC TCCCCCCTC AACTCATT	2700
	CTCATTCAC TCCCAAATAT CCCATACCCT TCCTCCATCT ATACCACCCT ACTCTCCTTT	2760
10	CCTCATTATT CCTCCTATTA TCTTCTCCTC TTCTCTCCTT CTTCTATATT TCCCAAATCT	2820
	ATCATCATTC ACTCTCATCC CCTCTTCCTT CACTCCCAT CTATTCTACT CCTTTCCTT	2880
15	TCCATATCCC CTCCACCCCC CTTCTCCCC TCTTTCAATC TTATCCCCAA TCATAAAATT	2940
	ATCTCAATTA TATTCTCCTT CCATACCCCC TATCATCCTC ATCCCTATCA CCCCCTACTC	3000
20	ACCCAATACT CCCTACTCAT CTCATATATC CTTATCCTCT CCTCACCTCT CCCTCCTCTA	3060
	TCTCCCCCCC TCACACTCAT TTCTCATTC ACTCCGGGG ATCAGCTTGG CGTAATCATG	3120
25	GTCATAGCTG	3130
30		
35		
40		
45		
50		
55		

SEQUENZPROTOKOLL

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

(A) NAME: Hoechst Aktiengesellschaft
 (B) STRASSE: -
 (C) ORT: Frankfurt
 (D) BUNDESLAND: -
 (E) LAND: Deutschland
 (F) POSTLEITZAHL: 65926
 (G) TELEPHON: 069-305-7072
 (H) TELEFAX: 069-35-7175
 (I) TELEX: -

(ii) ANMELDETITEL: In vitro Transkriptionsverfahren zum
 Screening von Naturstoffen und anderen chemischen
 Substanzen

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 1

(iv) COMPUTER-LESBARE FORM:

(A) DATENTRÄGER: Floppy disk
 (B) COMPUTER: IBM PC compatible
 (C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPA)

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

(A) LÄNGE: 3130 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Doppel
 (D) TOPOLOGIE: ringförmig

(ii) ART DES MOLEKÜLS: DNS (genomisch)

(ix) MERKMALE:

(A) NAME/SCHLÜSSEL: exon
 (B) LAGE: 1..3130

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

TTTCCTGTGT	GAAATTGTTA	TCCGCTCACA	ATTCCACACA	ACATACGAGC	CGGAAGCATA	60
AAGTGTAAG	CCTGGGGTGC	CTAATGAGTG	AGCTAACTCA	CATTAATTGC	GTTGCGCTCA	120
CTGCCCCGCTT	TCAGTCGGG	AAACCTGTGC	TGCCAGCTGC	ATTAATGAAT	CGGCCAACGC	180
GCGGGGAGAG	GCGGTTTGC	TATTGGGCGC	TCTTCCGCTT	CCTCGCTCAC	TGACTCGCTG	240
CGCTCGGTGC	TTGGGCTGCG	GCGAGCGGTA	TCAGCTCACT	CAAAGGCGGT	AATACGGTTA	300
TCCACAGAAAT	CAGGGGATAA	CGCAGGAAAG	AACATGTGAG	CAAAGGCCA	GCAAAAGGCC	360
AGGAACCGTA	AAAAGGCCGC	GTTGCTGGCG	TTTTTCATA	GGCTCCGCCC	CCCTGACGAG	420
CATCACAAAA	ATCGACGCTC	AAGTCAGAGG	TGGCGAAACC	CGACAGGACT	ATAAAGATAC	480
CAGGCGTTTC	CCCCTGGAAG	CTCCCTCGTG	CGCTCTCCTG	TTCCGACCCT	GCCGCTTACC	540
GGATACCTGT	CCGCCTTTCT	CCCTTCGGGA	AGCGTGGCGC	TTTCTCAATG	CTCACGCTGT	600
AGGTATCTCA	GTTCGGTGTA	GGTCGTTGCG	TCCAAGCTGG	GCTGTGTGCA	CGAACCCCCC	660

EP 0 864 656 A2

	GTTCAGCCCG	ACCGCTGCGC	CTTATCCGGT	AACTATCGTC	TTGAGTCCAA	CCCGGTAAGA	720
	CACGACTTAT	CGCCACTGGC	AGCAGCCACT	GGTAACAGGA	TTAGCAGAGC	GAGGTATGTA	780
5	GGCGGTGCTA	CAGAGTTCTT	GAAGTGGTGG	CCTAACTACG	GCTACACTAG	AAGGACAGTA	840
	TTTGGTATCT	GCGCTCTGCT	GAAGCCAGTT	ACCTTCGGAA	AAAGAGTTGG	TAGCTCTTGA	900
	TCCGGCAAAC	AAACCACCGC	TGGTAGCGGT	GGTTTTTTTG	TTTGCAAGCA	GCAGATTACG	960
10	CGCAGAAAAA	AAGGATCTCA	AGAAGATCCT	TTGATCTTTT	CTACGGGGTC	TGACGCTCAG	1020
	TGGAACGAAA	ACTCAGTTA	AGGGATTTTG	GTCATGAGAT	TATCAAAAAG	GATCTTCACC	1080
	TAGATCCTTT	TAAATTAAAA	ATGAAGTTTT	AAATCAATCT	AAAGTATATA	TGAGTAAACT	1140
15	TGGTCTGACA	GTTACCAATG	CTTAATCAGT	GAGGCACCTA	TCTCAGCGAT	CTGTCTATTT	1200
	CGTTTCATCA	TAGTTGCCTG	ACTCCCCGTC	GTGTAGATAA	CTACGATACG	GGAGGGCTTA	1260
	CCATCTGGCC	CCAGTGCTGC	AATGATACCG	CGAGACCCAC	GCTCACCGGC	TCCAGATTTA	1320
	TCAGCAATAA	ACCAGCCAGC	CGGAAGGGCC	GAGCGCAGAA	GTGGTCCTGC	AACTTTATCC	1380
20	GCCTCCATCC	AGTCTATTAA	TGTGTGCCGG	GAAGCTAGAG	TAAGTAGTTC	GCCAGTTAAT	1440
	AGTTTGCACA	ACGTTGTGTC	CATTGCTACA	GGCATCGTGG	TGTCACGCTC	GTCGTTTGGT	1500
	ATGGCTTCAT	TCAGTCCCGG	TTCCCAACGA	TCAAGGCGAG	TTACATGATC	CCCCATGTTG	1560
25	TGCAAAAAAG	CGGTTAGCTC	CTTCGGTCCT	CCGATCGTTG	TCAGAAGTAA	GTTGGCCGCA	1620
	GTGTTATCAC	TCATGGTTAT	GGCAGCACTG	CATAATTCTC	TTACTGTCAT	GCCATCCGTA	1680
	AGATGCTTTT	CTGTGACTGG	TGAGTACTCA	ACCAAGTCAT	TCTGAGAATA	GTGTATGCGG	1740
30	CGACCGAGTT	GCTCTTGCCC	GGCGTCAATA	CGGGATAATA	CCGCGCCACA	TAGCAGAACT	1800
	TTAAAAGTGC	TCATCATTGG	AAAACGTTCT	TCGGGGCGAA	AACTCTCAAG	GATCTTACCG	1860
	CTGTTGAGAT	CCAGTTGCGT	GTAACCCACT	CGTGACCCCA	ACTGATCTTC	AGCATCTTTT	1920
	ACTTTCACCA	GCGTTTCTGG	GTGAGCAAAA	ACAGGAAGGC	AAAATGCCGC	AAAAAAGGGA	1980
35	ATAAGGGCGA	CACGGAAATG	TTGAATACTC	ATACTCTTCC	TTTTTCAATA	TTATTGAAGC	2040
	ATTTATCAGG	GTTATTGTCT	CATGAGCGGA	TACATATTTG	AATGTATTTA	GAAAAATAAA	2100
	CAAATAGGGG	TTCCGCGCAC	ATTTCCCCGA	AAAGTGCCAC	CTGGGGGACT	AGAGTCTCCG	2160
40	CTCGGAGGAC	AGTACTCCGC	TCGGAGGACA	GTACTCCGCT	CGGAGGACAG	TACTCCGCTC	2220
	GGAGGACAGT	ACTCCGCTCG	GAGGACAGTA	CTCCGACCTG	CAGGAATTCTG	AGCTCGGTAC	2280
	CCGCGGGGAT	AAAATGTCAC	AAAATTCATT	TGGATCCTCA	CTCTCTTCAT	TTAAATATCC	2340
45	CATACCCTTC	CTCCATCTAT	ACCACCCTAC	TCTCCTTTCC	TCATTATTCC	TCCTATTATC	2400
	TTCTCCTCTT	CTCTCCTTCT	TCTATATTTT	CCAAATCTAT	CATCATTAC	TCTCATCCCC	2460
	TCTTCCTTCA	CTCCCATTCT	ATTCTACTCC	TTTCCCTTTC	CATATCCCCT	CCACCCCCCT	2520
	TCCTCCCCCTC	TTTCAATCTT	ATCCCCAATC	ATAAAATTAT	CTCAATTATA	TTCTCCTTCC	2580
50	ATACCCCCCTA	TCATCCTCAT	CCCTATCACC	CCCTACTCAC	CCAATACTCC	CTACTCATCT	2640
	CATATATCCT	TATCCTCTCC	TCACCTCTCC	CTCCTCTATC	TCCCCCCTC	ACACTCATTT	2700

55

CTCATTCCAC TCCCAAATAT CCCATACCCT TCCTCCATCT ATACCACCCT ACTCTCCTTT 2760
 CCTCATTATT CCTCCTATTA TCTTCTCCTC TTCTCTCCTT CTTCTATATT TCCCAAATCT 2820
 5 ATCATCATTC ACTCTCATCC CCTCTTCCTT CACTCCCAT TATTCTACT CCTTTCCTT 2880
 TCCATATCCC CTCCACCCCC CTTCTCCCC TCTTCAATC TTATCCCCAA TCATAAAATT 2940
 ATCTCAATTA TATTCTCCTT CCATACCCCC TATCATCCTC ATCCCTATCA CCCCCTACTC 3000
 10 ACCCAATACT CCCTACTCAT CTCATATATC CTTATCCTCT CCTCACCTCT CCCTCCTCTA 3060
 TCTCCCCCCC TCACACTCAT TTCTCATTC ACTCCGGGG ATCAGCTTGG CGTAATCATG 3120
 GTCATAGCTG 3130

15

20

Patentansprüche

1. Verfahren zur zellfreien in vitro Transkription eines DNA-Templates, enthaltend eine zu transkribierende DNA-Sequenz, die unter der Kontrolle mindestens eines genregulatorischen Elements vorliegt, dadurch gekennzeichnet, daß
 25 a) für die Transkription ein angereicherter und gegebenenfalls aufgereinigter Extrakt aus Zellkernen, der gegebenenfalls durch Transkriptionsfaktoren und/oder Kofaktoren ergänzt beziehungsweise teilweise oder ganz ersetzt werden kann und mindestens ein markiertes Nukleotid verwendet wird
 30 b) im Anschluß an die Transkription die im Ansatz enthaltenen Proteine gegebenenfalls abgetrennt und/oder degradiert werden,
 c) das markierte Transkript an einen festen Träger gebunden wird,
 d) die überschüssigen markierten Nukleotide entfernt werden und
 e) die Menge an markiertem Transkript bestimmt wird.
 35
2. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die zu transkribierende DNA-Sequenz mindestens eine Nukleobase ausgewählt aus der Reihe Guanin, Cytosin oder Thymin nicht enthält (G-freie, C-freie oder T-freie Sequenz).
3. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 und 2, wobei die G-freie, C-freie oder T-freie Sequenz eine
 40 Länge von mehr als 400 Nukleotiden aufweist.
4. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 3, wobei die G-freie, C-freie oder T-freie Sequenz eine Länge von etwa 800 Nukleotiden aufweist.
- 45 5. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 4, wobei das genregulatorische Element einen Promotor enthält.
6. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 5, wobei der Promotor eine "TATA"- Box und/oder eine Initiatorregion enthält.
 50
7. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 6, wobei das genregulatorische Element einen Enhancer enthält.
8. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 7, wobei das genregulatorische Element einen Silencer
 55 enthält.
9. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 8, wobei das genregulatorische Element ein Modellpromotor ist.

10. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 9, wobei der Modellpromotor eine "TATA"-Box, eine Initiatorregion und zusätzliche Proteinbindende DNA-Sequenzen enthält.
- 5 11. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 10, wobei der Modellpromotor die "TATA"-Box des humanen T-Zellrezeptors V β 8.1, die Initiator (INR)-Region des ML-Promotors (adenovirus major late promoter) und 5 Bindungsstellen für das Hefe Gal4 Protein sowie zwischen der "TATA"-Box und den Gal4-Bindungsstellen mindestens eine singuläre Schnittstelle für eine Restriktionsendonuklease aufweist.
- 10 12. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 9 bis 11, wobei der Modellpromotor teilweise oder ganz durch mindestens ein zu untersuchendes genregulatorisches Element ersetzt wird und/oder der Modellpromotor durch mindestens ein zu untersuchendes genregulatorisches Elemente ergänzt wird.
- 15 13. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 12, wobei das genregulatorische Element und/oder das zu untersuchende genregulatorische Element ausgewählt wird aus der Gruppe enthaltend die genregulatorischen Elemente der Gene von Adhäsionsmolekülen, Wachstumsfaktoren Phosphodiesterasen, Phosphatasen, Kinasen, ATPasen, Membranrezeptoren, "second messenger" Rezeptoren, Hormonrezeptoren, Steroidrezeptoren, Metalloproteasen, NO-Synthasen, 5-Lipoxygenasen, Zytokinen, Interleukinen, T-Zellrezeptoren, B-Zellrezeptoren, nukleären Rezeptoren, Viren und Retroviren oder Teile der genregulatorischen Elemente der genannten Gene.
- 20 14. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 13, wobei das DNA-Template ein universelles Reporterplasmid ist.
15. Verfahren nach Anspruch 14, wobei das DNA-Template das universelle Reporterplasmid pGS100 gemäß Figur 2 ist.
- 25 16. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 14 und 15, wobei das universelle Reporterplasmid die Sequenz gemäß Tabelle 1 (SEQ ID NO. 1) hat.
- 30 17. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 14 und 15, wobei das universelle Reporterplasmid unter der DSM-Nummer 11450 hinterlegt ist.
18. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 17, wobei der angereicherte Extrakt aus Zellkernen (angereicherter Kernextrakt) über mindestens einen chromatographischen Schritt aufgereinigt wird.
- 35 19. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 18, wobei der angereicherte Kernextrakt über Kernprotein-bindende Materialien ausgewählt aus der Reihe enthaltend Phosphocellulose, DEAE-Cellulose oder Heparin-Sepharose aufgereinigt wird.
- 40 20. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 19, wobei der angereicherte Kernextrakt über eine P11[®]-Säule aufgereinigt wird.
21. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 20, wobei der angereicherte Extrakt durch mindestens einen generellen und/oder einen spezifischen Transkriptionsfaktor ergänzt wird.
- 45 22. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 21, wobei der angereicherte Kernextrakt durch mindestens einen generellen Transkriptionsfaktor ausgewählt aus der Gruppe enthaltend TFIIA, TFIIB, TFIID oder TBP, TFIIIE, TFIIF, TFIIH und TFII ergnzt wird.
- 50 23. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 22, wobei der angereicherte Kernextrakt durch mindestens einen spezifischen Transkriptionsfaktor ausgewählt aus der Gruppe enthaltend Protoonkogene, Hormonrezeptoren, Tumorsuppressoren, virale Pathogene, STAT-Proteine, Proteine, die an "second messenger" Transduktionskaskaden beteiligt sind, nukleäre Rezeptoren, genspezifische Transkriptionsfaktoren, zelltypspezifische Transkriptionsfaktoren, gewebespezifische Transkriptionsfaktoren, differenzierungsabhängig exprimierte Transkriptionsfaktoren, entwicklungspezifisch exprimierte und zellzyklusspezifisch exprimierte Transkriptionsfaktoren und aus der Gruppe enthaltend Teile der genannten Transkriptionsfaktoren, wobei diese Teile gegebenenfalls als Fusionsproteine eingesetzt werden können, ergänzt wird.
- 55 24. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 23, wobei der angereicherte Kernextrakt durch minde-

stens einen Kofaktor ausgewählt aus der Reihe der generellen Kofaktoren, spezifischen Kofaktoren, positiven Kofaktoren, negativ n Kofaktoren, TAFs und Mediatoren ergänzt wird.

25. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 24, wobei die im Transkriptionsansatz enthaltenen Proteine im Anschluß an die Transkription durch einen chemischen und/oder mechanischen und/oder enzymatischen Verfahrensschritt abgetrennt und/oder degradiert werden.
26. Verfahren nach Anspruch 25, wobei der Verfahrensschritt ein Protease Verdau ist.
27. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 25 und 26, wobei für den Protease Verdau Proteinase K verwendet wird.
28. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 27, wobei das markierte Transkript an einen geladenen festen Träger gebunden wird.
29. Verfahren nach Anspruch 28, wobei der Träger eine DEAE-Cellulose Membran ist.
30. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 29, wobei mindestens ein Nukleotid radioaktiv markiert ist.
31. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 30, wobei die Verfahrensschritte a) bis e) entweder alle oder zumindest teilweise mit Hilfe eines automatischen Systems durchgeführt werden.
32. Verfahren nach Anspruch 31, wobei das automatische System der Biomek 2000® ist.
33. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 32, wobei die Transkription in Gegenwart eines zu testenden Wirkstoffs durchgeführt wird.
34. Verfahren nach Anspruch 33, wobei der zu testende Wirkstoff die Transkription inhibiert.
35. Verfahren nach Anspruch 33, wobei der zu testende Wirkstoff die Transkription aktiviert.
36. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 35, wobei
 - a) mindestens zwei Transkriptionen parallel unter gleichen Bedingungen durchgeführt werden, wobei
 - b) sich die Transkriptionsansätze nur dadurch unterscheiden, daß sie unterschiedliche Mengen des zu testenden Wirkstoffs und/oder mindestens eines Transkriptionsfaktors und/oder mindestens eines Kofaktors und/oder eines angereicherten Kernextrakts enthalten,
 - c) im Anschluß an die Transkription für jeden Ansatz die erhaltene Menge an markiertem Transkript bestimmt wird und
 - d) aus der Differenz der erhaltenen Mengen an markiertem Transkript die Wirksamkeit und/oder Spezifität des zu testenden Wirkstoffs, Transkriptionsfaktors, Kofaktors und/oder angereicherten Kernextrakts im Bezug auf das genregulatorische Element ermittelt wird.
37. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 36, wobei der Kernextrakt angereichert, aber nicht weiter aufgereinigt ist.
38. DNA-Template nach Anspruch 1, enthaltend eine zu transkribierende DNA-Sequenz, die unter der Kontrolle mindestens eines genregulatorischen Elements vorliegt, dadurch gekennzeichnet, daß die zu transkribierende DNA-Sequenz mindestens eine Nukleobase ausgewählt aus der Reihe Guanin, Cytosin oder Thymin nicht enthält, wobei die G-freie, T-freie oder C-freie Sequenz eine Länge von mehr als 400 Nukleotiden aufweist.
39. DNA-Template nach Anspruch 38, wobei die zu transkribierende G-freie, T-freie oder C-freie Sequenz eine Länge von etwa 800 Nukleotiden aufweist.
40. DNA-Template nach einem oder mehreren der Ansprüche 38 und 39, wobei das genregulatorische Element einen Promotor und gegebenenfalls einen Enhancer und/oder Silencer enthält.

EP 0 864 656 A2

41. DNA-Template nach einem oder mehreren der Ansprüche 38 bis 40, wobei das DNA-Template das Reporterplasmid pGS100 gemäß Figur 2 ist.

5 42. DNA-Template nach einem oder mehreren der Ansprüche 38 bis 41, wobei das universelle Reporterplasmid die Sequenz SEQ ID NO. 1 hat.

43. DNA-Template nach einem oder mehreren der Ansprüche 38 bis 41, wobei das universelle Reporterplasmid unter der DSM-Nummer 11450 hinterlegt ist.

10 44. Verwendung eines DNA-Templates nach einem oder mehreren der Ansprüche 38 bis 43 in einem Transkriptionsverfahren.

45. Verwendung eines DNA-Templates nach Anspruch 44, wobei das Transkriptionsverfahren ein Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 37 ist.

15 46. Verwendung eines Verfahrens nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 37 zur Identifizierung eines spezifischen pharmakologisch aktiven Wirkstoffes.

20 47. Verwendung eines Verfahrens gemäß Anspruch 46 zur Identifizierung und Charakterisierung eines pharmakologisch aktiven Wirkstoffs, wobei dieser pharmakologisch aktive Wirkstoff unter definierten Bedingungen die Transkription der unter der Kontrolle des genregulatorischen Elements vorliegenden zu transkribierenden DNA-Sequenz inhibiert.

25 48. Verwendung eines Verfahrens gemäß Anspruch 46 zur Identifizierung und Charakterisierung eines pharmakologisch aktiven Wirkstoffs, wobei dieser pharmakologisch aktive Wirkstoff unter definierten Bedingungen die Transkription der unter der Kontrolle des genregulatorischen Elements vorliegenden zu transkribierenden DNA-Sequenz aktiviert.

Fig. 1

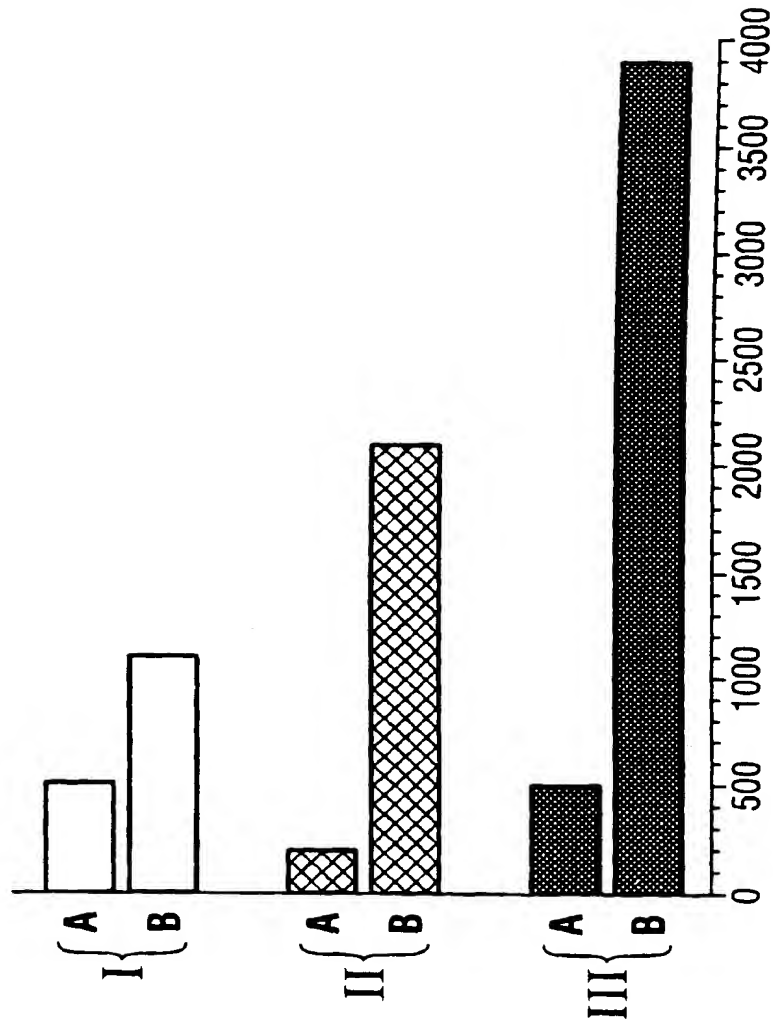


Fig. 2

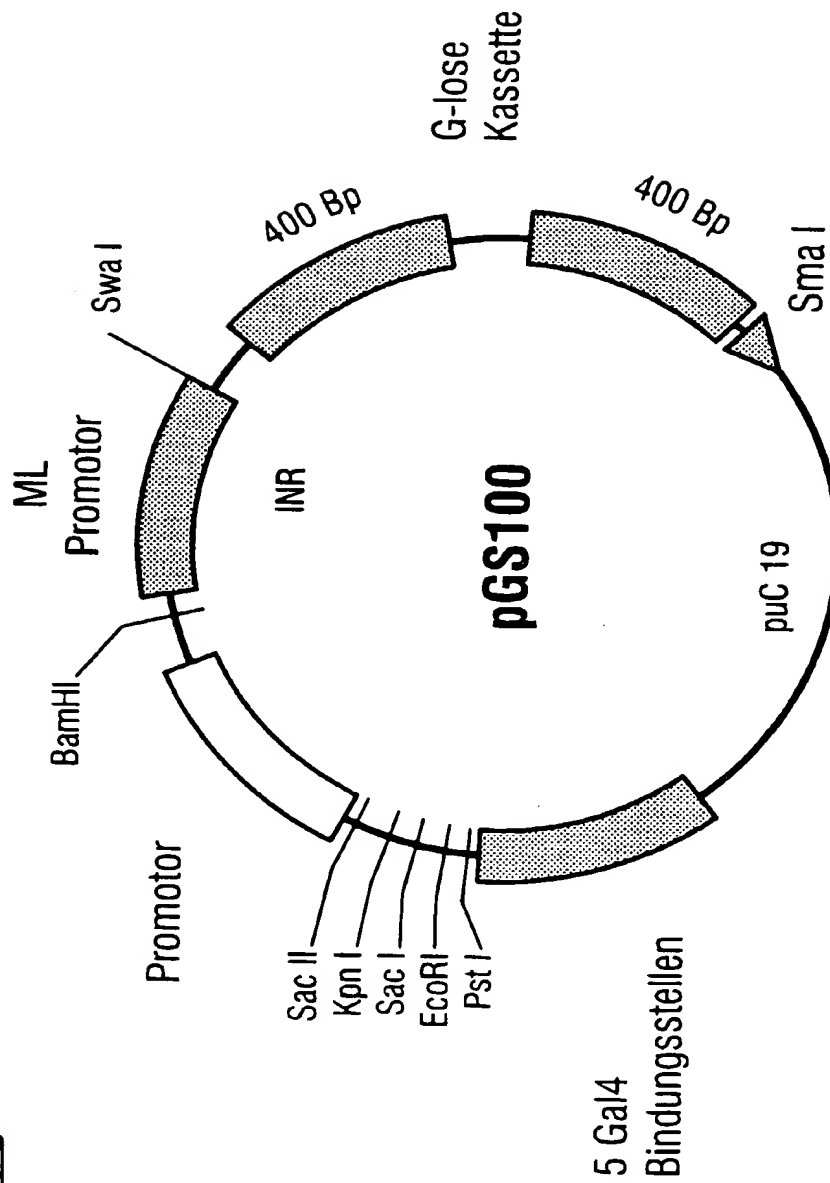


Fig. 3

